REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

GENÉTICA POPULACIONAL E FENÓTIPOS CLÍNICOS EM QUILOMBOLAS: UMA REVISÃO INTEGRATIVA SOBRE ANCESTRALIDADE, HEMOGLOBINOPATIAS E DETERMINANTES SOCIAIS DA SAÚDE

POPULATION GENETICS AND CLINICAL PHENOTYPES IN QUILOMBOLAS: AN INTEGRATIVE REVIEW ON ANCESTRY, HEMOGLOBINOPATHIES, AND SOCIAL DETERMINANTS OF HEALTH

GENÉTICA POBLACIONAL Y FENOTIPOS CLÍNICOS EN QUILOMBOLAS: UNA REVISIÓN INTEGRATIVA SOBRE ANCESTRALIDAD, HEMOGLOBINOPATÍAS Y DETERMINANTES SOCIALES DE LA SALUD

Lilian Coelho Heringer Diniz[1]; Gustavo de Carvalho Chaves[2]; Renato Faria da Gama[3]*

[1]Médica residente do Programa de Residência Médica em Medicina Preventiva e Social no Hospital Escola Álvaro Alvim (HEAA), Campos dos Goytacazes, RJ. Mestre pela UNIMEP, Graduada em Medicina pela UNIFAMAZ.
[2]Médico residente do Programa de Residência Médica em Medicina Preventiva e Social no Hospital Escola Álvaro Alvim (HEAA), Campos dos Goytacazes, RJ. Mestre em Ciências Aplicadas à Saúde pela UNIVÁS, Graduado em Medicina pela SUPREMA.
[3]Médico neurologista, professor universitário. Supervisor do Programa de Residência Médica em Medicina Preventiva e Social do Hospital Escola Álvaro Alvim (HEAA), Campos dos Goytacazes, RJ. Doutor em Cognição e Linguagem pela UENF. Mestre em Saúde Coletiva pelo IMS/UERJ. Professor do Instituto de Ciências Médicas da UFRJ, campus Macaé. Pesquisador em pós-doutoramento pela UFF e UFRJ.
* Autor correspondente: Renato Faria da Gama. E-mail: renatogama@med.br

Resumo

Esta revisão integrativa sintetizou evidências sobre ancestralidade, estrutura populacional, hemoglobinopatias, fenótipos cardiometabólicos e determinantes sociais da saúde em comunidades quilombolas brasileiras. Realizou-se busca reconstruída e documentada nos índices PubMed/MEDLINE e Crossref, complementada por rastreamento manual, entre maio e julho de 2026. Dos 58 registros identificados, uma duplicata foi removida e 57 registros foram avaliados; quatro foram excluídos após auditoria de elegibilidade por população ou escopo não elegível. Compuseram a síntese 44 estudos primários, enquanto nove fontes metodológicas ou contextuais sustentaram a interpretação. A seleção, a extração e a apreciação pelo MMAT foram conduzidas por um revisor responsável, com organização assistida por inteligência artificial, limitação considerada na interpretação. Não há perfil genético quilombola único; a heterogeneidade regional reflete histórias demográficas locais. A evidência mais consistente refere-se às hemoglobinopatias, com frequências variáveis de HbS, HbC, HbD-Punjab e talassemias. Para fenótipos cardiometabólicos, faltam estudos que integrem fenotipagem padronizada, variantes genéticas e determinantes sociais. Conclui-se que triagem e cuidado devem ser equitativos, sem inferência individual a partir da identidade, e que pesquisas futuras devem ser longitudinais, participativas e eticamente governadas.

Palavras-chave: Genética Populacional; Quilombolas; Hemoglobinopatias; Saúde Pública.

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

Abstract
This integrative review synthesized evidence on ancestry, population structure, hemoglobinopathies, cardiometabolic phenotypes, and social determinants of health in Brazilian quilombola communities. A reconstructed and documented search was conducted in PubMed/MEDLINE and Crossref, supplemented by manual reference-list screening, from May to July 2026. Of 58 identified records, one duplicate was removed and 57 records were assessed; four were excluded after an eligibility audit because the population or scope was ineligible. Forty-four primary studies comprised the synthesis, while nine methodological or contextual sources supported interpretation. Selection, extraction, and MMAT appraisal were conducted by one responsible reviewer, with artificial-intelligence-assisted organization, a limitation considered in interpretation. There is no single quilombola genetic profile; regional heterogeneity reflects local demographic histories. The most consistent evidence concerns hemoglobinopathies, with variable frequencies of HbS, HbC, HbD-Punjab, and thalassemias. For cardiometabolic phenotypes, studies integrating standardized phenotyping, genetic variants, and social determinants remain scarce. Screening and care should be equitable and should not infer individual risk from collective identity. Future studies should be longitudinal, participatory, and governed by robust ethical safeguards.
Keywords: Population Genetics; Quilombolas; Hemoglobinopathies; Public Health.

Resumen
Esta revisión integrativa sintetizó evidencias sobre ancestralidad, estructura poblacional, hemoglobinopatías, fenotipos cardiometabólicos y determinantes sociales de la salud en comunidades quilombolas brasileñas. Se realizó una búsqueda reconstruida y documentada en PubMed/MEDLINE y Crossref, complementada por rastreo manual, entre mayo y julio de 2026. De 58 registros identificados, se eliminó un duplicado y se evaluaron 57; cuatro fueron excluidos tras auditoría de elegibilidad por población o alcance no elegible. La síntesis incluyó 44 estudios primarios y nueve fuentes metodológicas o contextuales respaldaron la interpretación. La selección, extracción y valoración mediante MMAT fueron realizadas por un revisor responsable, con organización asistida por inteligencia artificial, limitación considerada en la interpretación. No existe un perfil genético quilombola único; la heterogeneidad regional refleja historias demográficas locales. La evidencia más consistente se refiere a hemoglobinopatías, con frecuencias variables de HbS, HbC, HbD-Punjab y talasemias. Para los fenotipos cardiometabólicos, siguen siendo escasos los estudios que integran fenotipado estandarizado, variantes genéticas y determinantes sociales. El tamizaje y la atención deben ser equitativos y no inferir riesgo individual de la identidad colectiva. Se requieren estudios longitudinales, participativos y con sólidas salvaguardas éticas.
Palabras clave: Genética Poblacional; Quilombolas; Hemoglobinopatías; Salud Pública.

1. Introdução

Comunidades quilombolas brasileiras constituem grupos étnico-raciais com trajetória histórica própria, presunção de ancestralidade negra, resistência à opressão histórica sofrida e relações territoriais específicas; sua caracterização jurídica baseia-se na autoatribuição, e não em marcador biológico ou teste genético (BRASIL, 2003). Consequentemente, “quilombola” não deve ser empregado como categoria biomédica homogênea, nem a ancestralidade genética deve ser usada para autenticar pertencimento, presumir risco clínico individual ou substituir a história, a autodefinição e os determinantes sociais da saúde. A diversidade genética eventualmente observada entre comunidades deve ser interpretada como medida populacional e histórica,

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

condicionada por processos demográficos locais e por contextos socioterritoriais específicos (PENA et al., 2009; PRITCHARD; STEPHENS; DONNELLY, 2000; PENA et al., 2020; KEHDY et al., 2015).

A produção científica disponível distribui-se em eixos que não são intercambiáveis: estudos de estrutura e ancestralidade populacional, investigações de variantes hereditárias e hemoglobinopatias, estudos de fenótipos cardiometabólicos e pesquisas sobre condições sociais, acesso e cuidado. Marcadores autossômicos, mitocondriais, do cromossomo Y, HLA e inserções Alu respondem a questões distintas de história populacional e subestrutura, e não constituem diagnóstico individual (CARVALHO-GONTIJO et al., 2018; KIMURA et al., 2013; COTRIM et al., 2004; NUNES et al., 2016). Entre as condições de maior relevância clínica, hemoglobinopatias exigem acesso equitativo à triagem, confirmação diagnóstica e seguimento, sem seleção baseada em identidade coletiva; quando indicado, o aconselhamento deve ser voluntário, não diretivo, confidencial e apoiado em consentimento informado.

Persistem lacunas importantes: a literatura é predominantemente transversal, heterogênea quanto a populações, métodos e definições clínicas, e raramente integra variantes genéticas humanas, fenotipagem padronizada e determinantes sociais no mesmo desenho. Esta revisão integrativa, portanto, sintetiza criticamente as evidências sobre ancestralidade e estrutura populacional, hemoglobinopatias, fenótipos cardiometabólicos e determinantes sociais da saúde em comunidades quilombolas brasileiras. O objetivo é identificar convergências, delimitar o grau de confiança de cada domínio e orientar uma agenda de pesquisa e cuidado que seja cientificamente prudente, socialmente responsável e construída com participação comunitária.

2. Revisão da Literatura

A literatura científica tem se debruçado sobre essas comunidades em três eixos principais: a genética populacional, que investiga a ancestralidade e a estrutura populacional (CARVALHO-GONTIJO et al., 2018; KIMURA et al., 2013); a genética médica, fortemente concentrada no estudo de hemoglobinas variantes (SANTIAGO et

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

al., 2017; SOUZA et al., 2013); e a epidemiologia clínica, focada em desfechos como obesidade, hipertensão e síndrome metabólica (FERRARI, 2024; QUEIROZ et al., 2021). Estudos com inserções Alu e genes HLA também mostram que diferentes marcadores respondem a perguntas distintas sobre diversidade e subestrutura populacional (COTRIM et al., 2004; NUNES et al., 2016). No entanto, observa-se fragmentação entre as abordagens genéticas e epidemiológicas, que raramente são integradas em um mesmo desenho de estudo (JOERIN-LUQUE et al., 2023). A experiência do Projeto COMQUISTA demonstra, adicionalmente, que inquéritos de saúde em comunidades quilombolas requerem estratégias de campo sensíveis à distribuição territorial e ao contexto sociocultural local (BEZERRA et al., 2014).

A necessidade de integrar dados sobre ancestralidade, estrutura do DNA mitocondrial (SCHAAN et al., 2017; CARVALHO et al., 2008) e do cromossomo Y (KIMURA et al., 2017; PALHA et al., 2011) com os desfechos em saúde é urgente. Estudos em comunidades afrodescendentes da Amazônia e do Centro-Oeste confirmam que a história de formação é regionalmente situada e que marcadores autossômicos e uniparentais são complementares para caracterizar heterogeneidade e subestrutura (GUERREIRO et al., 1999; LOPES MACIEL et al., 2011; PAIVA et al., 2026; RIBEIRO et al., 2011). Em âmbito latino-americano e em estudos de DNA mitocondrial conduzidos no Sudeste brasileiro, também se reforça a complexidade histórica da ancestralidade; tais achados devem ser interpretados como apoio contextual, sem substituir a evidência específica de comunidades quilombolas (DE OLIVEIRA; SECOLIN; LOPES-CENDES, 2023; SIMÃO et al., 2018). Diante desse cenário, o objetivo deste artigo foi apresentar uma síntese do panorama científico atual sobre o perfil genético das comunidades quilombolas brasileiras e suas implicações fenotípicas, destacando as convergências da literatura e as lacunas que demandam atenção da Saúde Pública.

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

3. Metodologia

3.1 Delineamento e referencial metodológico

Foi realizada uma revisão integrativa da literatura, de caráter descritivo e analítico, orientada pelas etapas de formulação do problema, busca bibliográfica, avaliação crítica, análise dos dados e apresentação da síntese propostas por Whittemore e Knafl (2005). A condução e o relato da revisão foram organizados de modo a permitir a rastreabilidade da identificação, seleção e inclusão dos estudos, com apresentação do processo em fluxograma adaptado do PRISMA 2020 (PAGE et al., 2021). A escolha da revisão integrativa justificou-se pela diversidade esperada de delineamentos — estudos de genética populacional, genética médica e epidemiologia clínica — e pela necessidade de examinar, de forma articulada, marcadores genéticos, hemoglobinopatias, fenótipos cardiometabólicos e determinantes sociais da saúde em comunidades quilombolas brasileiras (DHOLLANDE et al., 2021).

A pergunta norteadora foi: **qual é o conhecimento disponível sobre ancestralidade e estrutura populacional, variantes genéticas hereditárias de relevância clínica, hemoglobinopatias, fenótipos cardiometabólicos e determinantes sociais da saúde em comunidades quilombolas do Brasil?**

3.2 Fontes de informação e estratégia de busca

A busca foi realizada nos índices PubMed/MEDLINE e Crossref, complementada por rastreamento manual das listas de referências dos estudos elegíveis, no período de maio a julho de 2026. A estratégia combinou termos controlados e palavras livres em português e inglês, relacionados à população de interesse — “quilombola”, “quilombo”, “remanescentes de quilombos”, “afrodescendente”, “afrodescendant” e “African descendant” — e aos domínios de saúde e genética: “genética de populações”, “ancestralidade genética”, “marcadores genéticos”, “hemoglobinopatias”, “anemia falciforme”, “hemoglobina variante”, “talassemia”, “obesidade”, “hipertensão”, “síndrome metabólica” e “determinantes sociais da saúde”, bem como seus equivalentes em inglês.

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

A estratégia-base aplicada foi: (quilombola OR quilombo OR “remanescentes de quilombos” OR afrodescendant OR “African descendant”) AND (“population genetics” OR “genetic ancestry” OR “genetic markers” OR hemoglobinopathies OR “sickle cell anemia” OR “variant hemoglobin” OR thalassemia OR obesity OR hypertension OR “metabolic syndrome” OR “social determinants of health”). Os registros e as estratégias foram organizados em planilha eletrônica estruturada, disponibilizada como material de rastreabilidade da revisão.

3.3 Critérios de elegibilidade

Foram elegíveis estudos primários que: a) incluíram participantes de comunidades quilombolas localizadas no Brasil, com a população identificada de modo explícito no artigo; b) investigaram, ao menos, um dos seguintes domínios: ancestralidade genética, estrutura populacional, marcadores autossômicos ou uniparentais, variantes genéticas humanas, hemoglobinopatias, fenótipos cardiometabólicos ou determinantes sociais da saúde; c) apresentaram dados empíricos passíveis de extração; e d) foram publicados nos idiomas português, inglês ou espanhol no período previamente definido.

Foram excluídos estudos de revisão, editoriais, cartas, resumos de evento sem dados suficientes, duplicatas, estudos realizados em populações não quilombolas e trabalhos que não permitiam identificar a população, o local ou os resultados de interesse. Revisões, diretrizes e estudos de outras populações foram utilizados exclusivamente como literatura contextual, metodológica ou interpretativa, não integrando o corpus empírico. Estudos sobre HTLV, HPV, norovírus e outros agentes infecciosos somente poderiam ser mantidos em domínio específico de epidemiologia molecular de patógenos; eles não foram classificados como estudos de variantes hereditárias humanas.

3.4 Seleção dos estudos

Os 58 registros identificados foram exportados para planilha eletrônica estruturada em formato XLSX, na qual as duplicatas foram identificadas e removidas. Após a

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

remoção de uma duplicata, 57 registros únicos foram triados por títulos e resumos e, em seguida, por leitura do texto completo quando potencialmente elegíveis. A seleção foi conduzida por um revisor responsável, com organização assistida por inteligência artificial; a ausência de dupla triagem independente foi reconhecida como limitação metodológica. Dúvidas de classificação foram resolvidas mediante retorno ao texto integral e aos critérios de elegibilidade previamente definidos.

Dos 57 registros únicos avaliados, quatro foram excluídos após auditoria de elegibilidade por não apresentarem população quilombola brasileira identificável ou por abordarem escopo não elegível. Assim, 44 estudos primários compuseram a síntese temática. Nove fontes metodológicas ou contextuais foram mantidas exclusivamente para embasamento metodológico e interpretação, sem integrarem o corpus empírico. A Figura 1 documenta as contagens rastreáveis e a Tabela 1 apresenta sua composição.

3.5 Extração e organização dos dados

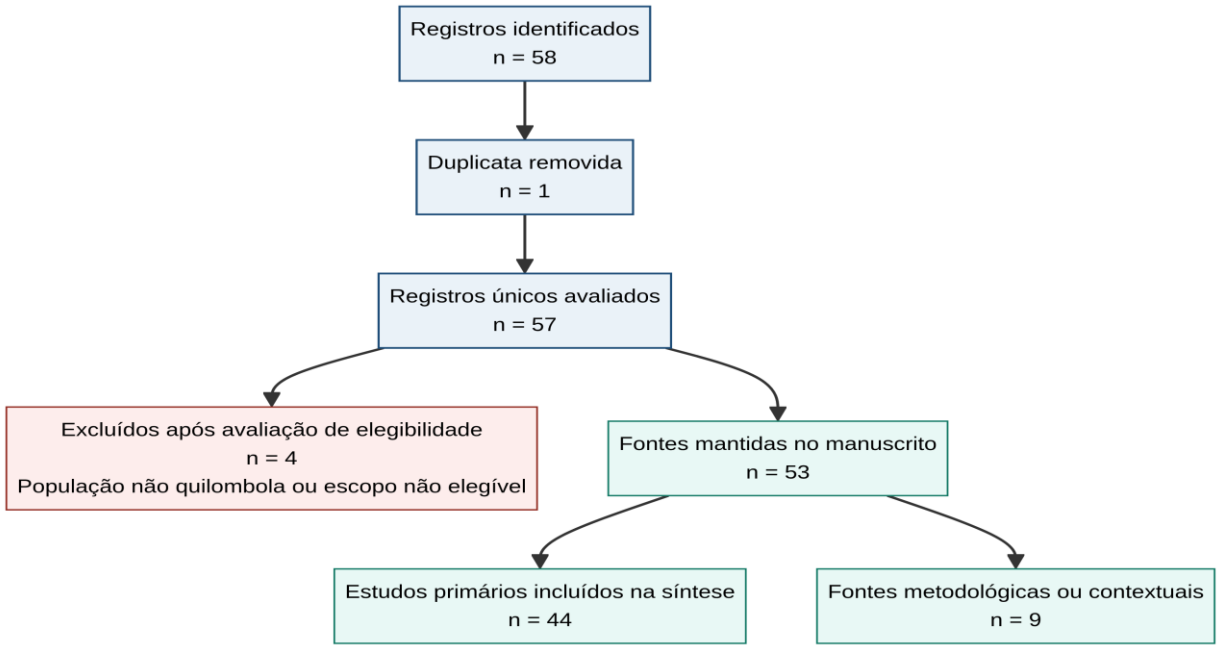
Abaixo segue o fluxograma de identificação, auditoria de elegibilidade e composição da síntese representado pela figura 1.

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

Figura 1 – Fluxograma de identificação, auditoria de elegibilidade e composição da síntese



Fonte: elaboração dos autores a partir da planilha de rastreabilidade da revisão (2026), adaptado de Page et al. (2021).
Nota: o processo foi reconstruído retrospectivamente. Não foi possível separar, com rastreabilidade suficiente, as etapas de leitura de títulos/resumos e de textos completos; por isso, a figura apresenta a auditoria de elegibilidade com as contagens efetivamente documentadas.

A extração foi realizada com formulário padronizado. Para cada estudo incluído, foram coletadas informações sobre autor, ano, estado e comunidade estudada, delineamento, tamanho da amostra, distribuição por sexo e faixa etária, objetivo, domínio temático, tipo de marcador genético ou desfecho clínico, método laboratorial ou critério diagnóstico, principais resultados, medidas de frequência ou associação, limitações e conclusão dos autores.

Nos estudos de genética populacional, foram registrados o tipo de marcador — autossômico, DNA mitocondrial, cromossomo Y, HLA, inserções Alu ou variante específica — e a inferência permitida por cada método. Nos estudos de hemoglobinopatias, foram distinguidas frequência alélica, frequência genotípica,

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

prevalência de portadores e prevalência de doença manifesta; também foram especificadas HbS, HbC, HbD-Punjab, α-talassemia, β-talassemia e combinações, quando reportadas. Nos estudos cardiometabólicos, foram extraídos o critério operacional de cada desfecho, os estratos de sexo e idade, as medidas ajustadas e não ajustadas e o delineamento. Numeradores, denominadores e intervalos de confiança foram registrados quando disponibilizados pelos estudos originais.

3.6 Avaliação da qualidade metodológica

A qualidade metodológica dos estudos incluídos foi apreciada por um revisor responsável, utilizando o Mixed Methods Appraisal Tool (MMAT), versão 2018, por sua aplicabilidade a estudos qualitativos, quantitativos e de métodos mistos (HONG et al., 2018). A organização da apreciação foi assistida por inteligência artificial, sem substituir o julgamento do revisor. Foram considerados os critérios correspondentes ao delineamento de cada artigo e as limitações potencialmente relevantes para seleção, mensuração, confundimento, precisão e validade externa. O resultado da apreciação crítica não foi utilizado para excluir automaticamente estudos, mas orientou a interpretação do grau de confiança e a moderação das conclusões.

3.7 Síntese e apresentação dos resultados

Os resultados foram organizados em síntese narrativa e temática, sem metanálise, em razão da heterogeneidade prevista entre comunidades, marcadores, técnicas laboratoriais, faixas etárias, critérios diagnósticos e delineamentos. A síntese foi estruturada nos seguintes domínios: a) ancestralidade e estrutura populacional; b) marcadores uniparentais e outros marcadores de genética populacional; c) hemoglobinopatias e variantes hereditárias humanas de relevância clínica; d) fenótipos cardiometabólicos; e) determinantes sociais da saúde; e f) lacunas metodológicas, éticas e translacionais.

A apresentação dos achados distinguiu resultado empírico, grau de confiança na evidência, implicação plausível para a saúde pública e recomendação que ainda exige

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

avaliação. Não foram comparadas como equivalentes estimativas obtidas por métodos, populações ou definições clínicas distintas. Achados sobre ancestralidade genética foram interpretados como medidas populacionais e históricas, sem utilização como critério de pertencimento quilombola ou como marcador clínico individual.

3.8 Aspectos éticos

Por utilizar exclusivamente artigos e documentos de acesso público, sem contato com participantes nem uso de dados individuais identificáveis, esta revisão não envolveu coleta direta de dados em seres humanos. Ainda assim, a interpretação dos resultados observou o princípio de não essencialização biológica das comunidades quilombolas. A discussão de pesquisas futuras considerou a necessidade de participação comunitária, proteção contra estigmatização e danos coletivos, governança de dados genômicos, confidencialidade, retorno responsável de resultados e repartição de benefícios.

A síntese foi reorganizada para separar estudos primários, fontes metodológicas/contextuais e registros excluídos após auditoria de elegibilidade. As Tabelas 1 a 4 tornam essa composição verificável e distinguem achado empírico, limitação e implicação plausível.

4. Resultados e Discussão

4.1 Ancestralidade e Estrutura Populacional

A evidência central recuperada demonstra de forma robusta que não existe um "perfil genético quilombola" uniforme no Brasil. O padrão dominante é a miscigenação tri-híbrida, englobando componentes africanos, europeus e ameríndios em proporções que variam significativamente conforme a região e a história de formação da comunidade (JOERIN-LUQUE et al., 2025). As comunidades quilombolas atuam inclusive como um repositório de alelos ameríndios (CARVALHO-GONTIJO et al., 2014). Em contrapartida, comunidades no Centro-Oeste e Nordeste, dependendo do grau de isolamento, apresentam variações expressivas nesses componentes, revelando relações evolutivas complexas (BORTOLINI et al., 1995).

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

A análise de marcadores uniparentais revela uma mistura sexualmente assimétrica, padrão observado na formação da população brasileira. Nota-se, em diferentes agregados regionais, semi-isolamento histórico, efeito fundador e consanguinidade, aspectos que afetam a distribuição de variantes (LEMES et al., 2014; LEMES et al., 2018). Marcadores como inserções Alu, HLA e cromossomo Y ampliam a caracterização dessa diversidade e exigem interpretação segundo o método empregado, em vez de serem tratados como medidas intercambiáveis de ancestralidade (COTRIM et al., 2004; NUNES et al., 2016; RIBEIRO et al., 2011). A presença de variantes como CCR5Δ32 ilustra a contribuição de diferentes trajetórias demográficas, mas não deve ser convertida em marcador individual de pertencimento ou de risco clínico isolado (KULMANN-LEAL; ELLWANGER; CHIES, 2021).

4.2 Hemoglobinopatias e Genética Médica: Variantes Hereditárias de Risco

O eixo mais consolidado da genética médica quilombola refere-se às hemoglobinopatias, que constituem as variantes hereditárias de maior relevância clínica e epidemiológica nessas populações. A presença da hemoglobina S (HbS) é um achado consistente em múltiplos estados brasileiros, com distribuição geográfica que reflete a história do tráfico transatlântico de pessoas escravizadas (DE MELLO AURICCHIO et al., 2007). As frequências alélicas variam substancialmente entre regiões: na Bahia, estudos documentaram prevalências elevadas de HbS, enquanto o estado também concentrou a maior frequência de HbC, sugerindo diferentes origens subcontinentais africanas (SANTIAGO et al., 2017). No Piauí, em amostra de 15 quilombos, observou-se que 5,4% dos indivíduos apresentavam traço falciforme (HbAS) e 0,8% apresentavam doença falciforme (HbSS ou HbSC), com outras hemoglobinas variantes também documentadas (SOARES et al., 2017). Em Tocantins, 6,6% da população estudada apresentou alterações de hemoglobina, incluindo traço falciforme e HbC (SOUZA et al., 2013). Sergipe registrou 2,2% de prevalência de HbS, com alguns indivíduos apresentando combinações com talassemia (DE ASSIS et al., 2015).

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

A Amazônia, particularmente, apresenta um padrão distinto. Em Saracura (Pará), a triagem molecular revelou frequência de HBB*S de apenas 0,9%, ausência de HbC, mas presença marcante de deleção α-talassemia 3,7 kb em 8,5% da população e múltiplas mutações de β-talassemia, interpretadas como compatíveis com efeito fundador e deriva genética (CARDOSO; TAKANASHI; GUERREIRO, 2012). No Vale do Ribeira, a frequência de portadores de HbS variou de 0% a 14% entre as 12 comunidades estudadas, e os haplótipos β-globina associados eram todos de origem africana, com predomínio Bantu, sugerindo uma origem subcontinental específica (DE MELLO AURICCHIO et al., 2007).

Além das hemoglobinopatias clássicas, a literatura recuperada incluiu o polimorfismo da interleucina-1β (IL-1β rs1143634), associado a menor prevalência de obesidade abdominal após ajuste multivariado em amostra de 756 adultos quilombolas brasileiros (PENA et al., 2017). Foram também identificados estudos de epidemiologia molecular de patógenos, como HTLV-1/2, HPV e norovírus (BRITO et al., 2022; BATISTA et al., 2017; VICENTINI et al., 2013). Esses achados são relevantes para vigilância e triagem, porém não devem ser classificados como variantes hereditárias humanas nem interpretados como evidência de associação genótipo-fenótipo humana. Como dado contextual fora do corpus quilombola, estudo em duas comunidades de terreiro de Umbanda de Teresina registrou hemoglobinas S e C em heterozigose, reforçando a utilidade de estratégias locais de rastreamento em populações afrodescendentes (SOARES et al., 2015).

Do ponto de vista de saúde pública, os achados sobre hemoglobinopatias possuem implicações para triagem neonatal, educação em herança de hemoglobinas, aconselhamento genético pré-concepcional e planejamento assistencial em doença falciforme (SOARES et al., 2017; DE ASSIS et al., 2015). Em Piauí, os resultados foram conectados à implementação do programa estadual de doença falciforme, demonstrando potencial de tradução da pesquisa para a política pública (SOARES et al., 2017). A identificação de frequências específicas por comunidade pode orientar vigilância e organização de cuidados, desde que não reduza pessoas ou coletividades a categorias

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

genéticas e que seja combinada com avaliação de acesso, qualidade do cuidado e determinantes sociais.

4.3 Fenótipos Cardiometabólicos, Determinantes Sociais e Lacunas Translacionais

No âmbito da epidemiologia clínica, as comunidades quilombolas apresentam carga importante de fenótipos cardiometabólicos adversos. Foram descritos obesidade abdominal, hipertensão arterial sistêmica e síndrome metabólica em diferentes estudos, embora comparações diretas dependam dos critérios diagnósticos e dos contextos analisados (LUISI et al., 2019). Esses desfechos afetam adultos em idade produtiva (SOARES; BARRETO, 2014), mulheres em idade reprodutiva (FERREIRA et al., 2017) e crianças, adolescentes e jovens (DE JESUS et al., 2022; QUARESMA et al., 2019). Estudos no médio São Francisco também descreveram excesso de peso e fatores associados em adultos quilombolas (MUSSI; QUEIROZ; PETRÓSKI, 2018). A capacidade preditiva de indicadores antropométricos e de composição corporal para a síndrome metabólica tem sido investigada nessas populações (MUSSI; PETRÓSKI, 2019).

Adicionalmente, alguns estudos abordam atividade física, perfil lipídico, saúde mental e insegurança alimentar em comunidades quilombolas, mas os delineamentos e indicadores são heterogêneos (MACIEL et al., 2022; QUEIROZ et al., 2023; GUBERT et al., 2017). Esses achados devem ser interpretados como associações documentadas, e não como demonstrações de causalidade entre marcadores biológicos, condições sociais e desfechos clínicos.

Entretanto, uma lacuna crítica persiste: a maioria dos estudos que documentam esses fenótipos cardiometabólicos adversos não integra dados de genética populacional ou variantes genéticas específicas no mesmo desenho analítico. Quando tentativas de integração ocorrem, como no caso do IL-1β rs1143634, o efeito genético é frequentemente pequeno e mediado por fatores socioeconômicos e de estilo de vida. Isso sugere que, embora componentes genéticos possam existir, os determinantes sociais da saúde — pobreza, acesso limitado aos serviços de saúde, saneamento

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

inadequado, racismo estrutural e discriminação — estão mais consistentemente associados às desigualdades em saúde cardiometabólica documentadas nessas populações. A literatura tende, portanto, a separar a genética populacional, que documenta heterogeneidade e ancestralidade, da epidemiologia clínica, que documenta desfechos adversos, sem estabelecer conexões causais diretas entre genótipo e fenótipo complexo.

Essa fragmentação representa tanto um desafio quanto uma oportunidade. Do ponto de vista da saúde pública, ela indica que intervenções voltadas à redução da pobreza, à melhoria do acesso a alimentos saudáveis, à promoção da atividade física e ao acesso equitativo aos serviços de saúde podem ser necessárias; esta revisão, contudo, não comparou a efetividade dessas intervenções com a de abordagens baseadas exclusivamente no risco genético. Simultaneamente, a ausência de estudos integrados constitui uma lacuna metodológica que impede a compreensão abrangente da etiologia dos fenótipos cardiometabólicos em comunidades quilombolas e mantém em aberto questões sobre interações entre fatores genéticos, ambientais e sociais, inclusive as interações gene-ambiente.

Tabela 1 – Composição auditável do corpus bibliográfico

Etapa	n	Tratamento na revisão
Registros identificados	58	Busca reconstruída e rastreamento manual
Duplicatas removidas	1	Deduplicação na planilha de rastreabilidade
Registros únicos avaliados	57	Avaliação de elegibilidade
Registros excluídos após auditoria	4	População quilombola brasileira não identificável ou escopo não elegível
Estudos primários incluídos	44	Integram a síntese temática
Fontes metodológicas/contextuais	9	Apoiam método e interpretação; não integram o corpus empírico

Fonte: elaboração dos autores a partir da planilha de rastreabilidade da revisão (2026).

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

Tabela 2 – Matriz de síntese por domínio, limitação e implicação

Domínio	Achado sintetizado	Limitação para inferência	Implicação prudente
Ancestralidade e estrutura	Heterogeneidade entre comunidades; marcadores não intercambiáveis.	Estudos locais e diferentes marcadores não permitem perfil único.	Interpretar ancestralidade como medida histórica/populacional, não identidade ou diagnóstico.
Hemoglobinopatias	HbS, HbC, HbD-Punjab e talassemias com frequências variáveis.	Métodos, denominadores e definições diferem entre estudos.	Garantir triagem, confirmação e seguimento equitativos; sem seleção identitária.
Cardiometabólico	Obesidade abdominal, hipertensão e síndrome metabólica foram descritas.	Predominam delineamentos transversais e definições heterogêneas.	Evitar inferência causal genética e padronizar fenotipagem futura.
Determinantes sociais	Acesso, segurança alimentar e condições sociais aparecem associados a desfechos.	Nem todos os determinantes foram mensurados diretamente em cada estudo.	Distinguir associação empírica de enquadramento estrutural e não hierarquizar intervenções sem comparação.
Patógenos	Há estudos de HTLV, HPV e norovírus em contextos quilombolas.	Não avaliam variantes hereditárias humanas.	Manter domínio separado de epidemiologia molecular de patógenos.

Fonte: elaboração dos autores a partir da planilha de rastreabilidade da revisão (2026).
Nota: A matriz não atribui causalidade quando os estudos disponíveis são transversais, heterogêneos ou não comparáveis.

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

Tabela 3 – Inventário do corpus empírico incluído na síntese (n = 44)

Nº	Estudo	Título bibliográfico	Domínio temático
1	Batista (2017)	Human papillomavirus genotypes 68 and 58 are the most prevalent genotypes in women from quilombo communities in the state of Maranhão, Brazil	Epidemiologia molecular de patógenos
2	Bezerra (2014)	Inquérito de Saúde em Comunidades Quilombolas de Vitória da Conquista, Bahia, Brasil (Projeto COMQUISTA): aspectos metodológicos e análise descritiva	Fenótipos clínicos e determinantes sociais
3	Bortolini (1995)	Evolutionary relationships between black South American and African populations	Ancestralidade e genética populacional
4	Brito (2022)	Prevalence and Risk Factors for HTLV-1/2 Infection in Quilombo Remnant Communities Living in the Brazilian Amazon	Epidemiologia molecular de patógenos
5	Cardoso (2012)	Inherited hemoglobin disorders in an Afro-Amazonian community: Saracura	Hemoglobinopatias
6	Carvalho (2008)	Mitochondrial DNA mapping of social-biological interactions in Brazilian Amazonian African-descendant populations	Ancestralidade e genética populacional
7	Carvalho-Gontijo (2014)	Brazilian quilombos: A repository of Amerindian alleles	Ancestralidade e genética populacional
8	Carvalho-Gontijo (2018)	Ancestry analysis in rural Brazilian populations of African descent	Ancestralidade e genética populacional
9	Cotrim (2004)	Polymorphic Alu insertions in six Brazilian African-derived populations	Ancestralidade e genética populacional
10	De Assis (2015)	Prevalence of variant hemoglobins and thalassemias in a maroon community in Sergipe, Brazil	Hemoglobinopatias
11	De Jesus (2022)	Hypertension in Quilombola children and adolescents	Fenótipos clínicos e determinantes sociais

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

Nº	Estudo	Título bibliográfico	Domínio temático
12	De Mello Auricchio (2007)	Frequency and Origins of Hemoglobin S Mutation in African-Derived Brazilian Populations	Hemoglobinopatias
13	Ferreira (2017)	Short Stature Is Associated With Overweight but Not With High Energy Intake in Low-Income Quilombola Women	Fenótipos clínicos e determinantes sociais
14	Gubert (2017)	Household food insecurity in black-slaves descendant communities in Brazil: has the legacy of slavery truly ended?	Fenótipos clínicos e determinantes sociais
15	Guerreiro (1999)	Genetical-demographic data from two amazonian populations composed of descendants of african slaves: Pacoval and Curiau	Ancestralidade e genética populacional
16	Joerin-Luque (2023)	Ancestry, diversity, and genetics of health-related traits in African-derived communities (quilombos) from Brazil	Ancestralidade e genética populacional
17	Kehdy (2015)	Origin and dynamics of admixture in Brazilians and its effect on the pattern of deleterious mutations	Ancestralidade e genética populacional
18	Kimura (2017)	Inferring paternal history of rural African-derived Brazilian populations from Y chromosomes	Ancestralidade e genética populacional
19	Kimura (2013)	Genomic ancestry of rural African-derived populations from Southeastern Brazil	Ancestralidade e genética populacional
20	Kulmann-Leal (2021)	CCR5Δ32 in Brazil: Impacts of a European Genetic Variant on a Highly Admixed Population	Ancestralidade e genética populacional
21	Lemes (2018)	Inbreeding estimates in human populations: Applying new approaches to an admixed Brazilian isolate	Ancestralidade e genética populacional
22	Lemes (2014)	Estimation of Inbreeding and Substructure Levels in African-Derived Brazilian Quilombo Populations	Ancestralidade e genética populacional
23	Lopes Maciel (2011)	Afro-Derived Amazonian Populations: Inferring Continental	Ancestralidade e genética populacional

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

Nº	Estudo	Título bibliográfico	Domínio temático
		Ancestry and Population Substructure	
24	Luisi (2019)	Prevalence of and Factors Associated with Metabolic Syndrome in Afro-Descendant Communities in a Situation of Vulnerability in Northern Brazil: A Cross-Sectional Study	Fenótipos clínicos e determinantes sociais
25	Maciel (2022)	Physical inactivity level and lipid profile in traditional communities in the Legal Amazon: a cross-sectional study	Fenótipos clínicos e determinantes sociais
26	Mussi (2019)	Indicadores de obesidade: capacidade preditiva para síndrome metabólica em adultos quilombolas	Fenótipos clínicos e determinantes sociais
27	Mussi (2018)	Excesso de peso e fatores associados em quilomboras do médio São Francisco baiano, Brasil	Fenótipos clínicos e determinantes sociais
28	Nunes (2016)	Population variation of HLA genes in rural communities in Brazil, the Quilombos from the Vale do Ribeira, São Paulo – Brazil	Ancestralidade e genética populacional
29	Paiva (2026)	Genetic Ancestry Reveals Historical Diversity of Formation Across Three Brazilian Communities of African Descent (Quilombos) in Central Brazil	Ancestralidade e genética populacional
30	Palha (2011)	Male ancestry structure and interethnic admixture in African-descent communities from the Amazon as revealed by Y-chromosome Strs	Ancestralidade e genética populacional
31	Pena (2017)	Interleukin-1β (rs1143634) polymorphism and adiposity traits in Quilombolas	Ancestralidade e genética populacional
32	Pena (2020)	Genetic admixture in Brazil	Ancestralidade e genética populacional
33	Quaresma (2019)	Factors associated with blood pressure disorders in Afro-	Ancestralidade e genética populacional

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

Nº	Estudo	Título bibliográfico	Domínio temático
		descendant children and adolescents	
34	Queiroz (2023)	Transtornos Mentais Comuns em quilombolas rurais do Norte de Minas Gerais, Brasil	Ancestralidade e genética populacional
35	Ribeiro (2011)	Who were the male founders of rural Brazilian Afro-derived communities? A proposal based on three populations	Ancestralidade e genética populacional
36	Santiago (2017)	Hemoglobin Variant Profiles among Brazilian Quilombola Communities	Hemoglobinopatias
37	Schaan (2017)	RETRACTED ARTICLE: mtDNA structure: the women who formed the Brazilian Northeast	Ancestralidade e genética populacional
38	Simão (2018)	Defining mtDNA origins and population stratification in Rio de Janeiro	Ancestralidade e genética populacional
39	Soares (2014)	Sobrepeso e obesidade abdominal em adultos quilombolas, Bahia, Brasil	Fenótipos clínicos e determinantes sociais
40	Soares (2026)	Panniculitis by leprosy: Case report of a diagnostic challenge	Ancestralidade e genética populacional
41	Soares (2017)	Prevalência de hemoglobinas variantes em comunidades quilombolas no estado do Piauí, Brasil	Hemoglobinopatias
42	Souza (2013)	Triagem das hemoglobinas S e C e a influência das condições sociais na sua distribuição: um estudo em quatro comunidades quilombolas do Estado do Tocantins	Hemoglobinopatias
43	Vicentini (2013)	Molecular Characterization of Noroviruses and HBGA from Infected Quilombola Children in Espirito Santo State, Brazil	Epidemiologia molecular de patógenos
44	Queiroz (2021)	Obesidade abdominal e fatores associados em comunidades quilombolas do Norte de Minas Gerais, 2019	Fenótipos clínicos e determinantes sociais

Fonte: elaboração dos autores a partir da planilha de rastreabilidade da revisão (2026).

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

Nota: O domínio temático foi organizado a partir do título e do escopo declarado da publicação. Detalhes de amostra, localidade e método devem ser consultados na planilha de rastreabilidade e no texto completo de cada estudo.

Tabela 4 – Fontes metodológicas e contextuais mantidas fora do corpus empírico (n = 9)

Fonte	Título bibliográfico	Uso no manuscrito
De Oliveira (2023)	A review of ancestrality and admixture in Latin America and the caribbean focusing on native American and African descendant populations	Contextualização e interpretação
Dhollande (2021)	Conducting integrative reviews: a guide for novice nursing researchers	Método da revisão
Ferrari (2024)	Epidemiology of metabolic syndrome: global scenario	Contextualização e interpretação
Hong et al. (2018)	Mixed Methods Appraisal Tool (MMAT), version 2018: user guide	Método da revisão
Joerin-Luque (2025)	Tracing the Uncharted African Diaspora in Southern Brazil: The Genetic Legacies of Resistance in Two Quilombos from Paraná	Contextualização e interpretação
Pena (2009)	DNA tests probe the genomic ancestry of Brazilians	Contextualização e interpretação
Pritchard (2000)	Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data	Contextualização e interpretação
Whittemore (2005)	The integrative review: updated methodology	Método da revisão
Page (2021)	The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews	Método da revisão

Fonte: elaboração dos autores a partir da planilha de rastreabilidade da revisão (2026).
Nota: Essas fontes não foram usadas para estimar frequências, associações ou efeitos nas comunidades quilombolas incluídas.

5. Conclusão

A literatura científica indica que as comunidades quilombolas formam um mosaico genético heterogêneo, marcado por ancestralidade tri-híbrida complexa e estruturação populacional regional. A relação entre variantes hereditárias e manifestação clínica é mais bem estabelecida para as hemoglobinopatias, subsidiando ações de saúde pública, como triagem neonatal, aconselhamento genético comunitário e planejamento assistencial para doença falciforme. Estudos de epidemiologia molecular de patógenos

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

trazem informação adicional para vigilância, mas não equivalem a evidência sobre variantes hereditárias humanas. Essas aplicações exigem interpretação contextualizada, participação comunitária e atenção às desigualdades sociais que condicionam o acesso ao cuidado.

Em contraste com a solidez da evidência sobre hemoglobinopatias, persiste uma lacuna relevante na compreensão das contribuições genéticas para fenótipos cardiometabólicos complexos nessas populações. Embora obesidade, hipertensão e síndrome metabólica sejam frequentemente descritas em comunidades quilombolas, particularmente entre mulheres em alguns estudos, a literatura atual oferece pouca evidência de variantes genéticas específicas que expliquem tais disparidades. As desigualdades documentadas estão mais consistentemente associadas a determinantes sociais estruturais — pobreza, racismo e acesso precário à saúde e a alimentos — do que a mecanismos genéticos demonstrados.

É prioritário desenvolver coortes multicêntricas e longitudinais que integrem genômica de alta densidade, com sequenciamento de genoma completo e painéis de SNPs de alta cobertura, à fenotipagem clínica padronizada, à avaliação de determinantes sociais e a marcadores de inflamação sistêmica. Tais estudos poderão superar a dicotomia artificial entre genética e ambiente e oferecer uma base científica mais sólida para políticas de saúde pública equitativas, precisas e culturalmente sensíveis às comunidades quilombolas. Além disso, é essencial que pesquisas futuras sejam conduzidas com participação ativa das comunidades, garantindo que o conhecimento gerado beneficie diretamente aqueles que o produzem.

Esta revisão, após auditoria de elegibilidade do corpus, identificou 44 estudos primários elegíveis e nove fontes metodológicas ou contextuais. A evidência sustenta que não há perfil genético quilombola único: a heterogeneidade observada entre comunidades é compatível com histórias demográficas locais e com marcadores que respondem a perguntas distintas. O conjunto mais consistente refere-se às hemoglobinopatias, embora as estimativas não devam ser comparadas diretamente quando diferem em população, método, denominador ou definição. Já para fenótipos

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

cardiometabólicos, predominam estudos transversais e heterogêneos; não há base suficiente para atribuir a variantes genéticas específicas uma arquitetura causal estabelecida ou para extrapolar associações isoladas ao risco individual.

As implicações para a saúde pública devem ser formuladas sem essencialização biológica. Frequências populacionais não definem identidade, não autorizam estratificação clínica por pertencimento coletivo e não substituem anamnese, confirmação diagnóstica, acesso oportuno ao cuidado e avaliação dos determinantes sociais. A triagem e o seguimento de hemoglobinopatias devem ser equitativos e universais conforme as políticas vigentes; quando houver aconselhamento genético, ele deve preservar autonomia, não diretividade, consentimento informado, confidencialidade e proteção contra estigma. Pesquisas genômicas futuras requerem governança de dados, participação comunitária desde a formulação das perguntas, retorno responsável de resultados e atenção a danos individuais e coletivos (LEMKE et al., 2022; GLOBAL ALLIANCE FOR GENOMICS AND HEALTH, 2014).

São prioritários estudos longitudinais e coproduzidos com as comunidades, com tamanho amostral justificado, fenotipagem clínica padronizada, mensuração explícita de determinantes sociais, controle de parentesco e estratificação populacional, replicação independente e avaliação de utilidade clínica antes de qualquer tradução assistencial. O fluxograma e as tabelas desta versão tornam a composição do corpus e seus limites auditáveis. Ainda assim, a busca foi reconstruída retrospectivamente e conduzida por um revisor responsável, com organização assistida por inteligência artificial; esses elementos restringem a reprodutibilidade e recomendam interpretação cautelosa dos achados.

Referências

BATISTA, José Eduardo; SADDI, Vera Aparecida; CARVALHO, Keila Patrícia Almeida de; RIBEIRO, Andréa Alves; SEGATI, Kelly Deyse; CARNEIRO, Megmar Aparecida dos S.; MONTEIRO, Silvio G.; NASCIMENTO, Maria do Desterro S.B.; RABELO-SANTOS, Silvia Helena. Human papillomavirus genotypes 68 and 58 are the most prevalent genotypes in women from quilombo communities in the state of Maranhão, Brazil.

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

International Journal of Infectious Diseases, [S. l.], v. 55, p. 51-55, fev. 2017. DOI: https://doi.org/10.1016/j.ijid.2017.01.001.

BEZERRA, Vanessa Moraes; MEDEIROS, Danielle Souto de; GOMES, Karine de Oliveira; SOUZAS, Raquel; GIATTI, Luana; STEFFENS, Ana Paula; KOCHERGIN, Clavdia Nicolaevna; SOUZA, Cláudio Lima; MOURA, Cristiano Soares de; SOARES, Daniela Arruda; SANTOS, Luis Rogério Cosme Silva; CARDOSO, Luiz Gustavo Vieira; OLIVEIRA, Márcio Vasconcelos de; MARTINS, Poliana Cardoso; NEVES, Orlando Sílvio Caires; GUIMARÃES, Mark Drew Crosland. Inquérito de Saúde em Comunidades Quilombolas de Vitória da Conquista, Bahia, Brasil (Projeto COMQUISTA): aspectos metodológicos e análise descritiva. Ciência & Saúde Coletiva, [S. l.], v. 19, n. 6, p. 1835-1847, jun. 2014. DOI: https://doi.org/10.1590/1413-81232014196.01992013.

BORTOLINI, M. C.; WEIMER, T. de A.; SALZANO, F. M.; CALLEGARI-JACQUES, S. M.; SCHNEIDER, H.; LAYRISSE, Z.; BONATTO, S. L. Evolutionary relationships between black South American and African populations. Human Biology, [S. l.], v. 67, n. 4, p. 547-559, 1995. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7649530/>. Acesso em: 12 ago. 2026.

BRASIL. Decreto nº 4.887, de 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 do Ato das Disposições Constitucionais Transitórias. Diário Oficial da União: seção 1, Brasília, DF, 21 nov. 2003. Disponível em: <https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/decreto/2003/d4887.htm>. Acesso em: 12 ago. 2026.

BRITO, Wandrey Roberto dos Santos; CARDOSO-COSTA, Greice de Lemos; ROLAND JUNIOR, Lourival Marques; PEREIRA, Keise Adrielle Santos; LOPES, Felipe Teixeira; SANTOS, Bernardo Cintra dos; DE LIMA, Aline Cecy Rocha; ABREU, Isabella Nogueira; LIMA, Carlos Neandro Cordeiro; LIMA, Sandra Souza; CAYRES VALLINOTO, Izaura M. Vieira; SANTOS, Eduardo José Melo dos; GUERREIRO, João Farias; VALLINOTO, Antonio Carlos Rosário. Prevalence and Risk Factors for HTLV-1/2 Infection in Quilombo Remnant Communities Living in the Brazilian Amazon. Frontiers in Public Health, [S. l.], v. 10, e 871865, mar. 2022. DOI: https://doi.org/10.3389/fpubh.2022.871865.

CARDOSO, Greice Lemos; TAKANASHI, Silvania Yukiko Lins; GUERREIRO, João Farias. Inherited hemoglobin disorders in an Afro-Amazonian community: Saracura. Genetics and Molecular Biology, [S. l.], v. 35, n. 3, p. 553-556, jul. 2012. DOI: https://doi.org/10.1590/s1415-47572012005000041.

CARVALHO, Bruno Maia; BORTOLINI, Maria Cátira; SANTOS, Sidney Emanuel Batista dos; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea Kely Campos. Mitochondrial DNA mapping of

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

social-biological interactions in Brazilian Amazonian African-descendant populations. Genetics and Molecular Biology, [S. l.], v. 31, n. 1, p. 12-22, 2008. DOI: https://doi.org/10.1590/s1415-47572008000100002.

CARVALHO-GONTIJO, Carolina; GUERRA AMORIM, Carlos Eduardo; GODINHO, Neide Maria Oliveira; TOLEDO, Rafaela Cesare Parmezan; NUNES, Adriana; SILVA, Wellington; DA FONSECA MOURA, Maria Manuela; DE OLIVEIRA, José Carlos Coutinho; PAGOTTO, Rubiani C.; DE NAZARÉ KLAUTAU-GUIMARÃES, Maria; DE OLIVEIRA, Silviene Fabiana. Brazilian quilombos: A repository of Amerindian alleles. American Journal of Human Biology, [S. l.], v. 26, n. 2, p. 142-150, mar. 2014. DOI: https://doi.org/10.1002/ajhb.22501.

CARVALHO-GONTIJO, Carolina; MENDES, Fábio Macêdo; SANTOS, Carla A.; KLAUTAU-GUIMARÃES, Maria de Nazaré; LAREU, Maria Victoria; CARRACEDO, Ángel; PHILLIPS, Christopher; OLIVEIRA, Silviene F. Ancestry analysis in rural Brazilian populations of African descent. Forensic Science International: Genetics, [S. l.], v. 36, p. 160-166, set. 2018. DOI: https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.06.018.

COTRIM, Nelson Henderson; AURICCHIO, Maria Teresa B.M.; VICENTE, João Pedro; OTTO, Paulo A.; MINGRONI-NETTO, Regina Célia. Polymorphic Alu insertions in six Brazilian African-derived populations. American Journal of Human Biology, [S. l.], v. 16, n. 3, p. 264-277, maio 2004. DOI: https://doi.org/10.1002/ajhb.20024.

DE ASSIS, Elizano Santos; ARAÚJO, Jamille Alves; REZENDE, Maria Izabel Ribeiro Cabral de; OLIVEIRA, Cristiane Costa da Cunha; REIS, Francisco Prado; MELO, Cláudia Moura de. Prevalence of variant hemoglobins and thalassemias in a maroon community in Sergipe, Brazil. Acta Scientiarum. Health Sciences, [S. l.], v. 37, n. 2, p. 211, jul. 2015. DOI: https://doi.org/10.4025/actascihealthsci.v37i2.23444.

DE JESUS, Viviane Silva; DA CONCEIÇÃO NASCIMENTO COSTA, Maria; DE CAMARGO, Climene Laura; TRAD, Leny Alves Bomfim; NERY, Joilda Silva. Hypertension in Quilombola children and adolescents. Medicine, [S. l.], v. 101, n. 11, mar. 2022. DOI: https://doi.org/10.1097/md.0000000000028991.

DE MELLO AURICCHIO, M. T. B.; VICENTE, J. P.; MEYER, D.; MINGRONI-NETTO, R. C. Frequency and origins of hemoglobin S mutation in African-derived Brazilian populations. Human Biology, [S. l.], v. 79, n. 6, p. 667-677, 2007. DOI: https://doi.org/10.1353/hub.2008.0017.

DE OLIVEIRA, Thais C.; SECOLIN, Rodrigo; LOPES-CENDES, Iscia. A review of ancestrality and admixture in Latin America and the caribbean focusing on native American and African descendant populations. Frontiers in Genetics, [S. l.], v. 14, e 1091269, jan. 2023. DOI: https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1091269.

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

DHOLLANDE, Shannon; TAYLOR, Annabel; MEYER, Silke; SCOTT, Mark. Conducting integrative reviews: a guide for novice nursing researchers. Journal of Research in Nursing, [S. l.], v. 26, n. 5, p. 427-438, ago. 2021. DOI: https://doi.org/10.1177/1744987121997907.

FERRARI, Carlos K.B.. Epidemiology of metabolic syndrome: global scenario. In: Metabolic Syndrome. [S. l.]: Elsevier, 2024. p. 59-71. DOI: https://doi.org/10.1016/b978-0-323-85732-1.00038-4.

FERREIRA, Haroldo da Silva; LUNA, Andreza A.; FLORÊNCIO, Telma Maria M. T.; ASSUNÇÃO, Monica L.; HORTA, Bernardo L.. Short Stature Is Associated With Overweight but Not With High Energy Intake in Low-Income Quilombola Women. Food and Nutrition Bulletin, [S. l.], v. 38, n. 2, p. 216-225, jun. 2017. DOI: https://doi.org/10.1177/0379572117699759.

GLOBAL ALLIANCE FOR GENOMICS AND HEALTH. Framework for responsible sharing of genomic and health-related data. [S. l.], 2014. Disponível em: <https://www.ga4gh.org/framework/>. Acesso em: 12 ago. 2026.

GUBERT, Muriel B; SEGALL-CORRÊA, Anna Maria; SPANIOL, Ana Maria; PEDROSO, Jessica; COELHO, Stefanie Eugênia dos Anjos Campos; PÉREZ-ESCAMILLA, Rafael. Household food insecurity in black-slaves descendant communities in Brazil: has the legacy of slavery truly ended?. Public Health Nutrition, [S. l.], v. 20, n. 8, p. 1513-1522, jun. 2017. DOI: https://doi.org/10.1017/s1368980016003414.

GUERREIRO, João Farias; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea Kely Campos; SANTOS, Eduardo José Melo dos; VALLINOTO, Antonio Carlos Rosário; CAYRES-VALLINOTO, Izaura Maria Vieira; AGUIAR, Gilberto Ferreira de Souza; SANTOS, Sidney Emanuel Batista dos. Genetical-demographic data from two amazonian populations composed of descendants of african slaves: Pacoval and Curiau. Genetics and Molecular Biology, [S. l.], v. 22, n. 2, p. 163-167, jun. 1999. DOI: https://doi.org/10.1590/s1415-47571999000200004.

HONG, Q. N. et al. Mixed Methods Appraisal Tool (MMAT), version 2018: user guide. Montréal: McGill University, 2018. Disponível em: <https://mixedmethodsappraisaltoolpublic.pbworks.com/w/file/fetch/127916259/MMAT_2018_criteria-manual_2018-08-01_ENG.pdf>. Acesso em: 12 ago. 2026.

JOERIN-LUQUE, Iriel A.; BALDON BLACZYK, Isadora; IANZEN DOS SANTOS, Priscila; GUIMARÃES ALVES, Ana Cecília; SUKOW, Natalie Mary; MALANCZYN DE OLIVEIRA, Ana Carolina; FARIAS DE CRISTO, Thomas; RODRIGUES DO AMARAL BISPO, Angela; GROS, Aymee Fernanda; SANTOS SAATKAMP, Maria Letícia; DOBIS BARROS, Victor; GEHLEN TESSARO, Joana; DA SILVEIRA COSTA, Maria Eduarda; LEONARDO GARCIA, Luana; DALL OGLIO BUCCO, Isabela; DE MOURA BONES, Denise Raquel; CUPERTINO, Sarah Elisabeth; BOSLOOPER GONÇALVES, Letícia; LEANDRO MARTINS, Alaerte; DA SILVA GUIZELIN, Gilberto; DE PAULA, Adriana Inês;

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

VIEIRA GUSMÃO LOPES, Claudemira; BELTRAME, Marcia Holsbach. Tracing the Uncharted African Diaspora in Southern Brazil: The Genetic Legacies of Resistance in Two Quilombos from Paraná. Genes, [S. l.], v. 16, n. 12, e 1510, dez. 2025. DOI: https://doi.org/10.3390/genes16121510.

JOERIN-LUQUE, Iriel A.; SUKOW, Natalie Mary; BUCCO, Isabela Dall'Oglio; TESSARO, Joana Gehlen; LOPES, Claudemira Vieira Gusmão; BARBOSA, Ana Angélica Leal; BELTRAME, Marcia H.. Ancestry, diversity, and genetics of health-related traits in African-derived communities (quilombos) from Brazil. Functional & Integrative Genomics, [S. l.], v. 23, n. 1, p. 74, mar. 2023. DOI: https://doi.org/10.1007/s10142-023-00999-0.

KEHDY, Fernanda S. G.; GOUVEIA, Mateus H.; MACHADO, Moara; MAGALHÃES, Wagner C. S.; HORIMOTO, Andrea R.; HORTA, Bernardo L.; MOREIRA, Rennan G.; LEAL, Thiago P.; SCLIAR, Marilia O.; SOARES-SOUZA, Giordano B.; RODRIGUES-SOARES, Fernanda; ARAÚJO, Gilderlanio S.; ZAMUDIO, Roxana; SANT ANNA, Hanaisa P.; SANTOS, Hadassa C.; DUARTE, Nubia E.; FIACCONE, Rosemeire L.; FIGUEIREDO, Camila A.; SILVA, Thiago M.; COSTA, Gustavo N. O.; BELEZA, Sandra; BERG, Douglas E.; CABRERA, Lilia; DEBORTOLI, Guilherme; DUARTE, Denise; GHIROTTO, Silvia; GILMAN, Robert H.; GONÇALVES, Vanessa F.; MARRERO, Andrea R.; MUNIZ, Yara C.; WEISSENSTEINER, Hansi; YEAGER, Meredith; RODRIGUES, Laura C.; BARRETO, Mauricio L.; LIMA-COSTA, M. Fernanda; PEREIRA, Alexandre C.; RODRIGUES, Maíra R.; TARAZONA-SANTOS, Eduardo; THE BRAZILIAN EPIGEN PROJECT CONSORTIUM; ALCANTARA-NEVES, Neuza; ARAÚJO, Nathalia M.; CARVALHO, Márcio L.B.; CONCEIÇÃO, Jackson Santos; FIRMO, Josélia O.A.; GIGANTE, Denise P.; MEIRA, Lindolfo; MUNIZ-QUEIROZ, Thais; OLIVEIRA, Guilherme C.; OLIVEIRA, Isabel O.; PEIXOTO, Sérgio V.; PROIETTI, Fernando A.; RODRIGUES, Domingos C.; SANTOLALLA, Meddly L.; STRINA, Agostino; ZOLINI, Camila. Origin and dynamics of admixture in Brazilians and its effect on the pattern of deleterious mutations. Proceedings of the National Academy of Sciences, [S. l.], v. 112, n. 28, p. 8696-8701, jul. 2015. DOI: https://doi.org/10.1073/pnas.1504447112.

KIMURA, Lilian; NUNES, Kelly; MACEDO-SOUZA, Lúcia Inês; ROCHA, Jorge; MEYER, Diogo; MINGRONI-NETTO, Regina Célia. Inferring paternal history of rural African-derived Brazilian populations from Y chromosomes. American Journal of Human Biology, [S. l.], v. 29, n. 2, e e22930, mar. 2017. DOI: https://doi.org/10.1002/ajhb.22930.

KIMURA, Lilian; RIBEIRO-RODRIGUES, Elzemar Martins; DE MELLO AURICCHIO, Maria Teresa Balester; VICENTE, João Pedro; BATISTA SANTOS, Sidney Emanuel; MINGRONI-NETTO, Regina Célia. Genomic ancestry of rural African-derived populations from Southeastern Brazil. American Journal of Human Biology, [S. l.], v. 25, n. 1, p. 35-41, jan. 2013. DOI: https://doi.org/10.1002/ajhb.22335.

KULMANN-LEAL, Bruna; ELLWANGER, Joel Henrique; CHIES, José Artur Bogo. CCR5Δ32 in Brazil: Impacts of a European Genetic Variant on a Highly Admixed

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

Population. Frontiers in Immunology, [S. l.], v. 12, e 758358, dez. 2021. DOI: https://doi.org/10.3389/fimmu.2021.758358.

LEMES, Renan B.; NUNES, Kelly; CARNAVALLI, Juliana E. P.; KIMURA, Lilian; MINGRONI-NETTO, Regina C.; MEYER, Diogo; OTTO, Paulo A.. Inbreeding estimates in human populations: Applying new approaches to an admixed Brazilian isolate. PLOS ONE, [S. l.], v. 13, n. 4, e e0196360, abr. 2018. DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0196360.

LEMES, Renan B.; NUNES, Kelly; MEYER, Diogo; MINGRONI-NETTO, Regina Célia; OTTO, Paulo A. Estimation of inbreeding and substructure levels in African-derived Brazilian quilombo populations. Human Biology, [S. l.], v. 86, n. 4, p. 276, 2014. DOI: https://doi.org/10.13110/humanbiology.86.4.0276.

LEMKE, Amy A.; GLASS, Maeve; FIELDING, Julia; LACHANCE, Jennifer; JACKSON, Lucinda; WALL, Joan D.; BISWAS, Sahana; BEGGS, William; BOLTON, Kristen L.; RAMASAMY, Abhishek; JARVIS, Emily D.; KENNEDY, Christopher J.; KAHN, Jeffrey P.; FULLERTON, Stephanie M.; KOENIG, Barbara A.; JENNINGS, Diane L.; MCKINSTRY, Brian; TANDON, Ruchi; CRAWFORD, Dana C.; BROWN, Martha; BUSH, William S.; JORDE, Lynn B.; MCBRIDE, Caitlin M.; KLEIN, William M. P.; BYRNE, Beverly; MOTULSKY, Arno G.; VANCE, Michael A.; COLLINS, Francis S.; GREEN, Eric D.; HAMMOND, Elizabeth R.; YU, Jasmine H.; KULLO, Iftikhar J.; WILLIAMS, M. S.; TISHKOFF, Sarah A.; BUNCE, Catherine; MANOLIO, Teri A. Addressing underrepresentation in genomics research through community engagement. American Journal of Human Genetics, [S. l.], v. 109, n. 9, p. 1563-1571, 2022. DOI: https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2022.08.006.

LOPES MACIEL, Luana Gomes; RIBEIRO RODRIGUES, Elzemar Martins; CARNEIRO DOS SANTOS, Ney Pereira; RIBEIRO DOS SANTOS, Ândrea; GUERREIRO, João Farias; SANTOS, Sidney. Afro-Derived Amazonian Populations: Inferring Continental Ancestry and Population Substructure. Human Biology, [S. l.], v. 83, n. 5, p. 627-636, out. 2011. DOI: https://doi.org/10.3378/027.083.0504.

LUISI, Caio; FIGUEIREDO, Francisco Winter dos Santos; SOUSA, Luiz Vinicius de Alcantara; QUARESMA, Fernando Rodrigues Peixoto; MACIEL, Erika da Silva; ADAMI, Fernando. Prevalence of and Factors Associated with Metabolic Syndrome in Afro-Descendant Communities in a Situation of Vulnerability in Northern Brazil: A Cross-Sectional Study. Metabolic Syndrome and Related Disorders, [S. l.], v. 17, n. 4, p. 204-209, maio 2019. DOI: https://doi.org/10.1089/met.2018.0107.

MACIEL, Erika da Silva; SILVA, Bhárbara Karolline Rodrigues; FIGUEIREDO, Francisco Winter dos Santos; PONTES-SILVA, André; QUARESMA, Fernando Rodrigues Peixoto; ADAMI, Fernando; FONSECA, Fernando Luiz Affonso. Physical inactivity level and lipid profile in traditional communities in the Legal Amazon: a cross-sectional study. BMC Public Health, [S. l.], v. 22, n. 1, p. 542, dez. 2022. DOI: https://doi.org/10.1186/s12889-022-12973-9.

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

MUSSI, Ricardo Franklin de Freitas; PETRÓSKI, Edio Luiz. Indicadores de obesidade: capacidade preditiva para síndrome metabólica em adultos quilombolas. Ciência & Saúde Coletiva, [S. l.], v. 24, n. 7, p. 2471-2480, jul. 2019. DOI: https://doi.org/10.1590/1413-81232018247.19032017.

MUSSI, Ricardo Franklin de Freitas; QUEIROZ, Bruno Morbeck de; PETRÓSKI, Edio Luiz. Excesso de peso e fatores associados em quilomboras do médio São Francisco baiano, Brasil. Ciência & Saúde Coletiva, [S. l.], v. 23, n. 4, p. 1193-1200, abr. 2018. DOI: https://doi.org/10.1590/1413-81232018234.03662016.

NUNES, Kelly; PIOVEZAN, Bruno; TORRES, Margareth A.; PONTES, Gerlândia N.; KIMURA, Lilian; CARNAVALLI, Juliana E.P.; MINGRONI NETTO, Regina Célia; MORAES, Maria Elisa; MEYER, Diogo. Population variation of HLA genes in rural communities in Brazil, the Quilombos from the Vale do Ribeira, São Paulo – Brazil. Human Immunology, [S. l.], v. 77, n. 6, p. 447-448, jun. 2016. DOI: https://doi.org/10.1016/j.humimm.2016.04.007.

PAGE, Matthew J; MCKENZIE, Joanne E; BOSSUYT, Patrick M; BOUTRON, Isabelle; HOFFMANN, Tammy C; MULROW, Cynthia D; SHAMSEER, Larissa; TETZLAFF, Jennifer M; AKL, Elie A; BRENNAN, Sue E; CHOU, Roger; GLANVILLE, Julie; GRIMSHAW, Jeremy M; HRÓBJARTSSON, Asbjørn; LALU, Manoj M; LI, Tianjing; LODER, Elizabeth W; MAYO-WILSON, Evan; MCDONALD, Steve; MCGUINNESS, Luke A; STEWART, Lesley A; THOMAS, James; TRICCO, Andrea C; WELCH, Vivian A; WHITING, Penny; MOHER, David. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. BMJ, [S. l.], p. n71, mar. 2021. DOI: https://doi.org/10.1136/bmj.n71.

PAIVA, Sabrina Guimarães; RIVARA, Anna C.; DE CASTRO NÓBREGA, Matheus; TOLEDO, Rafaela de Cesare Parmezan; KLAUTAU-GUIMARÃES, Maria de Nazaré; SANTOS, Sidney Emanuel Batista dos; MADRIGAL, Lorena; DE OLIVEIRA, Silviene Fabiana. Genetic Ancestry Reveals Historical Diversity of Formation Across Three Brazilian Communities of African Descent (Quilombos) in Central Brazil. American Journal of Human Biology, [S. l.], v. 38, n. 1, e e70199, jan. 2026. DOI: https://doi.org/10.1002/ajhb.70199.

PALHA, Teresinha de Jesus Brabo Ferreira; RIBEIRO-RODRIGUES, Elzemar Martins; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea; GUERREIRO, João Farias; DE MOURA, Luciene Soraya Souza; SANTOS, Sidney. Male ancestry structure and interethnic admixture in African-descent communities from the Amazon as revealed by Y-chromosome Strs. American Journal of Physical Anthropology, [S. l.], v. 144, n. 3, p. 471-478, mar. 2011. DOI: https://doi.org/10.1002/ajpa.21436.

PENA, Geórgia das Graças; SILVA, Rosângela Ramos Veloso; PEREIRA, Mayane Moura; MARITNS, Tatiana Carvalho Reis; FARIAS, Lucyana Conceição; GOMES, Emisael Stênio Batista; NETO, João Felício Rodrigues; DE PAULA, Alfredo Maurício Batista; SANTOS, Sérgio Henrique Souza; CALDEIRA, Antonio Prates; GUIMARÃES,

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

André Luiz Sena. Interleukin-1β (rs1143634) polymorphism and adiposity traits in Quilombolas. Meta Gene, [S. l.], v. 13, p. 78-84, set. 2017. DOI: https://doi.org/10.1016/j.mgene.2017.05.004.

PENA, S.D.J.; BASTOS-RODRIGUES, L.; PIMENTA, J.R.; BYDLOWSKI, S.P.. DNA tests probe the genomic ancestry of Brazilians. Brazilian Journal of Medical and Biological Research, [S. l.], v. 42, n. 10, p. 870-876, set. 2009. DOI: https://doi.org/10.1590/s0100-879x2009005000026.

PENA, Sergio D. J.; SANTOS, Fabrício R.; TARAZONA-SANTOS, Eduardo. Genetic admixture in Brazil. American Journal of Medical Genetics Part C: Seminars in Medical Genetics, [S. l.], v. 184, n. 4, p. 928-938, dez. 2020. DOI: https://doi.org/10.1002/ajmg.c.31853.

PRITCHARD, Jonathan K; STEPHENS, Matthew; DONNELLY, Peter. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. Genetics, [S. l.], v. 155, n. 2, p. 945-959, jun. 2000. DOI: https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945.

QUARESMA, Fernando Rodrigues Peixoto; DA SILVA MACIEL, Erika; DOS SANTOS FIGUEIREDO, Francisco Winter; ADAMI, Fernando. Factors associated with blood pressure disorders in Afro-descendant children and adolescents. BMC Pediatrics, [S. l.], v. 19, n. 1, p. 244, dez. 2019. DOI: https://doi.org/10.1186/s12887-019-1626-0.

QUEIROZ, Patrícia de Sousa Fernandes; MIRANDA, Leonardo de Paula; OLIVEIRA, Pâmela Scarlatt Durães; RODRIGUES NETO, João Felício; SAMPAIO, Cristina Andrade; OLIVEIRA, Thatiane Lopes; SILVA, Maria Luiza Oliveira. Obesidade abdominal e fatores associados em comunidades quilombolas do Norte de Minas Gerais, 2019. Epidemiologia e Serviços de Saúde, [S. l.], v. 30, n. 3, e e2020833, 2021. DOI: https://doi.org/10.1590/s1679-49742021000300023.

QUEIROZ, Patrícia de Sousa Fernandes; RODRIGUES NETO, João Felício; MIRANDA, Leonardo de Paula; OLIVEIRA, Pâmela Scarlatt Durães; SILVEIRA, Marise Fagundes; NEIVA, Ricardo Jardim. Transtornos Mentais Comuns em quilombolas rurais do Norte de Minas Gerais, Brasil. Ciência & Saúde Coletiva, [S. l.], v. 28, n. 6, p. 1831-1841, jun. 2023. DOI: https://doi.org/10.1590/1413-81232023286.15022022.

RIBEIRO, Guilherme Galvarros Bueno Lobo; ABE-SANDES, Kiyoko; BARCELOS, Rejane da Silva Sena; KLAUTAU-GUIMARÃES, Maria de Nazaré; JUNIOR, Wilson Araujo da Silva; OLIVEIRA, Silviene Fabiana de. Who were the male founders of rural Brazilian Afro-derived communities? A proposal based on three populations. Annals of Human Biology, [S. l.], v. 38, n. 2, p. 237-240, mar. 2011. DOI: https://doi.org/10.3109/03014460.2010.500471.

SANTIAGO, Rayra P.; OLIVEIRA, Rodrigo M.; SOARES, Leonardo F.; FIGUEIREDO, Camylla V. B.; SILVA, Denise Oliveira; HURTADO-GUERRERO, Ana F.; FIUZA, Luciana M.; GUARDA, Caroline C.; ADORNO, Elisângela V.; BARBOSA, Cynara G.;

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

GONÇALVES, Marilda S.. Hemoglobin Variant Profiles among Brazilian Quilombola Communities. Hemoglobin, [S. l.], v. 41, n. 2, p. 83-88, mar. 2017. DOI: https://doi.org/10.1080/03630269.2017.1321014.

SCHAAN, Ana Paula; COSTA, Lorenna; SANTOS, Diego; MODESTO, Antonio; AMADOR, Marcos; LOPES, Camile; RABENHORST, Sílvia Helena; MONTENEGRO, Raquel; SOUZA, Bruno D. A.; LOPES, Thayson; YOSHIOKA, France Keiko; PINTO, Giovanny; SILBIGER, Vivian; RIBEIRO-DOS-SANTOS, Ândrea. RETRACTED ARTICLE: mtDNA structure: the women who formed the Brazilian Northeast. BMC Evolutionary Biology, [S. l.], v. 17, n. 1, p. 185, ago. 2017. DOI: https://doi.org/10.1186/s12862-017-1027-7.

SIMÃO, Filipa; FERREIRA, Ana Paula; DE CARVALHO, Elizeu Fagundes; PARSON, Walther; GUSMÃO, Leonor. Defining mtDNA origins and population stratification in Rio de Janeiro. Forensic Science International: Genetics, [S. l.], v. 34, p. 97-104, maio 2018. DOI: https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.02.003.

SOARES, Daniela Arruda; BARRETO, Sandhi Maria. Sobrepeso e obesidade abdominal em adultos quilombolas, Bahia, Brasil. Cadernos de Saúde Pública, [S. l.], v. 30, n. 2, p. 341-354, fev. 2014. DOI: https://doi.org/10.1590/0102-311x00004613.

SOARES, L. F.; LEAL, J. M. A.; VIEIRA, J. F. P. N.; OLIVEIRA, E. H. Prevalence of hemoglobins S and C in heterozygous in two communities of Umbanda Temple in the city of Teresina, Piauí, Brazil. Revista de Ciências Farmacêuticas Básica e Aplicada, [S. l.], 2015. Disponível em: <https://www.scopus.com/pages/publications/85004010362>. Acesso em: 12 ago. 2026.

SOARES, Leonardo Ferreira; LIMA, Eleonidas Moura; SILVA, José Alexsandro da; FERNANDES, Suenia Soares; SILVA, Keyla Malba da Costa; LINS, Sarah Pereira; DAMASCENO, Bolivar Ponciano Goulart de Lima; VERDE, Roseane Mara Cardoso Lima; GONÇALVES, Marilda de Souza. Prevalência de hemoglobinas variantes em comunidades quilombolas no estado do Piauí, Brasil. Ciência & Saúde Coletiva, [S. l.], v. 22, n. 11, p. 3773-3780, nov. 2017. DOI: https://doi.org/10.1590/1413-812320172211.04392016.

SOUZA, Lidiane Oliveira de; TELES, Annyelle Figueredo; OLIVEIRA, Rafael José de; LOPES, Maria Aparecida de Oliveira; SOUZA, Ibis Alan de; INÁCIO, Vélma de Souza Santos; SEIBERT, Carla Simone. Triagem das hemoglobinas S e C e a influência das condições sociais na sua distribuição: um estudo em quatro comunidades quilombolas do Estado do Tocantins. Saúde e Sociedade, [S. l.], v. 22, n. 4, p. 1236-1246, dez. 2013. DOI: https://doi.org/10.1590/s0104-12902013000400024.

VICENTINI, Fernando; DENADAI, Wilson; GOMES, Yohanna Mayelle; ROSE, Tatiana L.; FERREIRA, Mônica S. R.; LE MOULLAC-VAIDYE, Beatrice; LE PENDU, Jacques; LEITE, José Paulo Gagliardi; MIAGOSTOVICH, Marize Pereira; SPANO, Liliana Cruz. Molecular Characterization of Noroviruses and HBGA from Infected Quilombola Children

CC BY

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/07/2026 - **Accepted:** 16/08/2026
Vol: 13.18 - August
DOI: 10.66104/3vbr9128
Pages: 1-31

in Espirito Santo State, Brazil. PLoS ONE, [S. l.], v. 8, n. 7, e e69348, jul. 2013. DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0069348.

WHITTEMORE, Robin; KNAFL, Kathleen. The integrative review: updated methodology. Journal of Advanced Nursing, [S. l.], v. 52, n. 5, p. 546-553, dez. 2005. DOI: https://doi.org/10.1111/j.1365-2648.2005.03621.x.

CC BY