

## GENEALOGIA GENÉTICA, CIÊNCIA BIOLÓGICA E SOCIAL EM CONSTRUÇÃO DIALÉTICA: ENCONTRO ENTRE A GENÉTICA, A HISTÓRIA E AS CIÊNCIAS SOCIAIS

Ricardo Costa de Oliveira<sup>1</sup>

Mônica Helena Harrich Silva Goulart<sup>2</sup>

**Resumo:** Investigamos o surgimento da genealogia genética e suas práticas sociais. A história do desenvolvimento dos testes genéticos e a genética das populações. A pesquisa pelos parentescos, pelas origens e pela identificação genealógica e genética promovida pelos testes do cromossomo Y, pelo ADN mitocondrial, pelo cromossomo X e pelos cromossomos somáticos. Consequências sociais, médicas e forenses.

**Palavras-chave:** Genealogia Genética. Genealogia. Família. Parentesco.

## GENETIC GENEALOGY, BIOLOGICAL AND SOCIAL SCIENCE IN DIALECTIC CONSTRUCTION: MEETING BETWEEN GENETICS, HISTORY AND SOCIAL SCIENCES

**Abstract:** We investigate the emergence of genetic genealogy and its social practices. The history of the development of genetic testing and population genetics. Research on kinship, origins and genealogical and genetic identification promoted by Y chromosome tests, mitochondrial DNA, X chromosome and somatic chromosomes. Social, medical and forensic consequences.

**Key words:** Genetic Genealogy. Genealogy. Family. Kinship.

### Pontos Altos

- Os testes de genealogia genética representam atualmente a escala de dezenas de milhões de pessoas testadas. As combinações genéticas definem os graus de proximidade de parentescos e identidades fundamentadas em fatos científicos.
- Toda população é uma mistura genética formada com populações que também eram misturas genéticas anteriores. A genealogia genética combate racismos e supremacismos ideológicos porque todos somos misturas genéticas modernas e antigas originárias da África.
- A parte mais desenvolvida, com grandes bases de dados em construção progressiva, está

<sup>1</sup> Professor Titular no Programa de Pós-Graduação em Sociologia, Universidade Federal do Paraná (UFPR). Coordenador do NEP – Núcleo de Estudos Paranaenses. Contato: [rco2000@uol.com.br](mailto:rco2000@uol.com.br)

<sup>2</sup> Professora no Departamento Acadêmico de Filosofia e Ciências Humanas (DAFCH), Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR). Colaboradora no Programa de Pós-Graduação em Sociologia, da Universidade Federal do Paraná (UFPR). Contato: [mharrich@uol.com.br](mailto:mharrich@uol.com.br)

relacionada com as linhagens masculinas e femininas, os haplogrupos (Y-ADN e mtADN) apresentam sequenciamentos completos e acuidade etno-histórica em grande desenvolvimento.

- A identificação familiar e genealógica, a parte somática próxima apresenta grande acuidade, parentescos mais distantes ficam mais aleatórios.

- O geoprocessamento e a localização de populações com suas misturas genéticas permite a identificação de origens e classificações etno-históricas, locais, regionais, nacionais e continentais.

- A demografia e dispersão humana histórica e pré-histórica segue com grandes avanços nas pesquisas sobre a genética de remanescentes arqueológicos e sedimentares genéticos humanos.

- O genoma reescreve a mais antiga história desconhecida dos movimentos, migrações, a formação das línguas e troncos linguísticos.

- Novas práticas sociais, culturais, científicas, forenses e identitárias surgem com a genealogia genética, uma forma de inteligência coletiva a descobrir novos resultados.

- A genealogia genética representa um novo fato social e genético, parentescos, identidades etno-históricas e nacionais existem como realidades sociais, políticas, linguísticas e genéticas, independente das vontades, não são apenas ancestralidades imaginadas ou representações artificiais, mas fatos sociais e genéticos objetivos construídos historicamente.

## **Introdução**

A investigação do genoma tem sido uma das maiores revoluções científicas no século XXI. Novos paradigmas de investigação científicos e novas técnicas de pesquisa foram desenvolvidas com novas tecnologias. Esta nova ciência produz imensas consequências sociais. (KUHN, 1997).

Há um conjunto de novas pesquisas com impactos em diversos setores da sociedade. O conhecimento mais detalhado do genoma é um processo em plena evolução e grande desenvolvimento, de modo que as ciências sociais precisam acompanhar e saber utilizar este imenso potencial aberto pelas novas tecnologias. Da mesma maneira, a genética em muito se beneficia das pesquisas, informações, considerações e questões colocadas pelas ciências sociais e história, em termos das identidades sociais, dispersões populacionais, fenômenos demográficos e genealógicos correspondentes. Esta revolução tecnológica vem promovendo significativas mudanças em vários processos de conhecimento, epistemologias, práticas sociais, identitárias, médicas e judiciais. A genealogia genética envolve questões de perfis e pedigrees individuais, familiares, parentescos, origens étnicas, origens locais, nacionais e continentais, além de

informações na área da saúde, com diversos impactos na terapêutica, nos farmacêuticos e medicamentos, na sociedade e nas identidades. As consequências e aplicações na sociedade, cultura, na área criminal, forense, histórica e identitária das novas tecnologias promovem mudanças acentuadas em vários campos sociais, inclusive com novas formas de investigação, novas práticas e novos comportamentos. Muitas das novas tecnologias de pesquisa genética também se tornam rapidamente acessíveis para as pessoas interessadas, depois de curto espaço de tempo de suas descobertas tecnológicas, técnicas e científicas, muitas vezes com diferentes interpretações a partir dos dados e resultados genéticos.

Para o início da década de 2020 estima-se que mais de trinta milhões de pessoas já fizeram um teste genético, o que mostra a grande popularidade e acesso em larga escala aos testes genéticos. (NEUSTAETER, 2022)

Artigos em importantes revistas científicas sobre a genética para as ciências sociais têm sido debatidos, novos potenciais, novas aplicações e considerações sobre o mau uso de formas distorcidas de racismo neste novo campo. (HARDEN, KOELLINGER, 2020)

### **Ciência para todos interessados**

Os testes genéticos e a genealogia genética se tornaram uma ciência popular em vários países.

Encontrar a história familiar dos sobrenomes ocultos no tempo, cerca de 95% dos chineses não conseguem encontrar dados históricos familiares e as árvores genealógicas documentais e convencionais são difíceis de serem preservadas por muito tempo, as histórias orais são facilmente esquecidas e perdidas depois de algumas gerações, mas a história familiar nos genes não pode ser apagada. Enquanto houver um membro do clã, a história da família não será perdida pela identificação genética. (23MOFANG, 2022).

Uma preocupação na China são crianças perdidas, “nossa família Fang tem sua própria árvore genealógica genética, e os filhos da família Fang nunca mais se perderão” (23MOFANG, 2022). Observamos neste exemplo como a genealogia genética complementa a história familiar e a genealogia documental. Por vezes os resultados podem trazer tensões inesperadas sobre relações familiares, sobre as origens da paternidade ou da maternidade biológica e social, ao longo de várias gerações. (NEUSTAETER, 2022)

Muitas pessoas descobriram que seus parentescos socialmente ou familiarmente atribuídos não correspondiam ao parentesco genético, abrindo vários questionamentos sobre o que teria acontecido no passado e de que maneira lidar com as novas revelações advindas da genética. (LETTERS, 2018). Assim, muitos desencontros e reencontros foram proporcionados pelos testes genéticos. (MAN DISCOVERS, 2018)

Os testes genéticos afirmam a “morte ou o fim” de muitos segredos da família. A Ancestry e outras empresas de testes de DNA estão trazendo à luz e desocultando velhos segredos de família. Muitos indivíduos estão lidando com “a verdade” genética sobre seus parentescos, novas revelações são produzidas pelos testes genéticos. (THE DEATH, 2019). Diante das revelações genéticas, um mapeamento detalhado revela que a maior parte das situações passa pelos seguintes casos:

- Trocas de bebês no nascimento descobertas por teste genético de um filho. (ROMAN, 2022);
- Crimes variados (MULLIN, 2022);
- Segredos familiares expostos e revelados com parentes desconhecidos. (CHIU, 2022; GUERRINI *et al.*, 2022);
- As pesquisas sobre as genealogias e relações familiares extensas, passando por procuras e pesquisas genéticas (ERLICH *et al.*, 2018; COPELAND, 2020a, 2020b);
- Doadores genéticos passaram a ser identificados. O fim do anonimato ou da privacidade dos doadores (PACEY, 2018; ANDERSON, 2018; HARPER ET AL, 2018);
- Paternidade questionada (LARMUSEAU, 2019; WISEMAN, 2022)

Os testes genéticos vendidos diretamente aos consumidores apresentam pontos positivos e negativos, o mais importante é que representam uma evolução constante e podem criar uma cultura consumidora adaptada aos novos produtos e testes genéticos. (STIVAL, 2020)

Uma forte característica da prática social da genealogia genética é a capacidade de formar comunidades de pesquisadores, como uma forma de inteligência coletiva conectada com a internet na criação e formação de grupos, a exemplo da International Society of Genetic

Genealogy (ISOGG - <https://isogg.org/>). Organizada desde 2005, com a participação de genealogistas genéticos de vários países, é responsável por modelos de árvores filogenéticas a partir dos testes e resultados de participantes. O que também se denomina “citizen science”, um campo aberto a novas contribuições, muitas pesquisas e resultados de “amadores”, pessoas sem títulos acadêmicos ou científicos, mas com interesses nas pesquisas, provendo financiamentos e resultados de pesquisas, que não seriam possíveis por apenas um grupo ou instituição científica. Nesta dimensão a genealogia genética é uma atividade em construção coletiva, em parte enquanto um grande número de astrônomos amadores contribuindo na formação e nas descobertas da astronomia, no que a internet conectou e vinculou em muitos grupos, fóruns, listas e espaços de debates e trocas de informações. Os grandes laboratórios como a FTDNA abriram espaços para milhares de projetos com voluntários sobre haplogrupos, clados (polimorfismos de nucleotídeo único - single nucleotide polymorphism - SNPs), projetos nacionais, regionais, clãs, famílias, grupos sociais e étnicos variados, o que demonstra ser a genealogia genética sempre uma prática social familiar, comunitária, cooperativa e comparativa.

No Brasil surgiram vários projetos, a exemplo do Projeto Brasil da FTDNA, desde dezembro de 2006, com mais de mil e quinhentos participantes em 2022. (BRASIL, 2022). Foram criados também laboratórios com serviços no Brasil, como o Genera, oferecendo testes de ancestralidade, busca de parentes, linhagens, farma e algumas doenças genéticas. (GENERA, 2022).

### **História da Genealogia Genética**

As pesquisas genéticas trazem importantes temas e questões para os debates teóricos e empíricos das ciências sociais. Desde 1984, Alec Jeffreys, no laboratório da Universidade de Leicester, observou a possibilidade de diferenças no ADN com raio-X, abrindo o campo da identificação genética individualizada, conceituado como “Genetic fingerprinting”. Em 1985 começou a esclarecer casos de filiação de imigrantes de Gana, da África, no Reino Unido, mostrando importantes consequências práticas com interesse social e jurídico. Em 1986 o método também começou a ser utilizado na procura de crimes sexuais pela primeira vez. Um suspeito foi

desvinculado de um crime, Richard Buckland e outro confirmado posteriormente, Colin Pitchfork, tendo confessado o crime, o primeiro indivíduo a ser condenado com base no ADN na história britânica. As técnicas de pesquisa disponíveis na época passaram a ser utilizadas em casos de imigração e na identificação dos restos de Mengele, casos célebres naquele período. (DNA PIONEER'S, 2009; WAMBAUGH, 1989)

Um artigo publicado no jornal "Dallas Morning News", em 20 de fevereiro de 1989, por Tom Siegfried, é considerado o primeiro a utilizar o termo de "genealogia genética", um novo conceito foi elaborado a partir do potencial de novos resultados e pesquisas, com as inovações científicas e tecnológicas: "Genetic genealogy and the search for 'Eve'" (GENETIC, 2022). Dessa forma, o cromossomo Y, marcador de linhagem masculina, passou a ser investigado e mapeado desde os anos 1990. (HISTORY, 2022)

Já os marcadores Y STR, "short tandem repeat", uma forma inicial de comparação de haplótipos individuais, produzindo perfis distintos, começaram a ser desenvolvidos e aperfeiçoados entre 1992 e 2002, o que permitiu o surgimento dos primeiros bancos de dados sobre estes marcadores genéticos. (BUTLER, 2002; GENETIC GENEALOGY, 2022)

Em 1995 e 1996 já havia referências científicas discutindo o cromossomo Y e suas aplicações futuras. Jobling MA, Tyler-Smith C. Fathers and sons: the Y chromosome and human evolution Trends in Genetics November 1995, Volume 11, Issue 11, Pages 449-456. Summarizes current status of Y chromosome research and predicts future applications (genealogical and other). (DONNELLY *et al.*, 1996; JOBLING, TYLER-SMITH, 1995)

Uma das primeiras investigações coletivas e identitárias foi sobre a genealogia de um grupo etno-religioso da comunidade judaica, em 1997, uma das primeiras pesquisas e associações entre genealogia genética, genealogia convencional e história. A investigação de possíveis antepassados em comum nos "sacerdotes Cohen/Cohanin" das comunidades judaicas. (SKORECKI *et al.*, 1997). Posteriormente outros artigos continuaram examinando o tema ao longo dos anos. (HAMMER *et al.*, 2009).

Vários casos históricos conhecidos, alguns polêmicos, passaram a ser investigados com as novas técnicas investigativas da genealogia genética. Uma importante pesquisa sobre a família de Thomas Jefferson, o terceiro presidente dos Estados Unidos (1801-1809) e a suposta paternidade

da escravizada Sally Hemings, caso histórico de bastante repercussão e interesse, teve muita divulgação nos meios de comunicação da época. (FOSTER, JOBLING *et al.*, 1998; FOSTER, JOBLING *et al.*, 1999)

Um artigo sobre a genealogia genética de 1998 previu corretamente que no futuro pessoas distintas saberiam serem descendentes de indivíduos do passado e parentes distantes entre si no presente, somente conhecidos por marcadores genéticos, seus códigos e suas nomenclaturas: *An introduction to Genetic Genealogy*, de Alan Savin., terminou de maneira visionária aqui:

Alguns de vocês podem estar especulando se o DNA pode ser usado de alguma forma para rastrear todos os ancestrais ou descendentes, homens e mulheres de uma determinada família. No momento, não parece haver um marcador universal adequado, principalmente por causa da constante troca de material genético a cada geração. No entanto, ainda estamos na era das descobertas com a genética, quem sabe o que podemos encontrar daqui a alguns anos. No ano, digamos 2010; genealogistas podem estar começando a descrever um ancestral ou descendente em termos de um código numérico que descreve certos marcadores de DNA. (SAVIN, 1998)

### **Laboratórios genéticos como empresas de testes diretos aos consumidores**

Uma das primeiras empresas a oferecer testes genéticos com interesse genealógico para o grande público foi a Family Tree DNA - FTDNA, criada em 2000. O empresário Bennett Greenspan esperava que a mesma abordagem usada na pesquisa de Jefferson e dos Cohen ajudasse os historiadores e genealogistas de qualquer família. Depois de chegar a uma “parede de tijolos” na genealogia convencional no sobrenome da mãe dele, Nitz, Bennett descobriu um argentino pesquisando o mesmo sobrenome. Greenspan contou com a ajuda de um primo Nitz. Um cientista envolvido na investigação original do grupo Cohen testou os cromossomos Y do argentino e do primo de Greenspan. Seus haplótipos combinaram perfeitamente, a comprovação da genealogia genética para todos interessados em investirem no assunto. (GREENSPAN, 2005).

Em 2004 começam a aparecer as primeiras bases de dados de consulta pública na internet, YSearch. YFiller. (DNA, 2022).

Ao longo dos anos a genealogia genética avançou consideravelmente nas técnicas de pesquisa com novas tecnologias e refinamentos. Os marcadores STR iniciais foram



complementados com polimorfismos de nucleotídeo simples (Single nucleotide polymorphism - SNPs), formando os haplogrupos. Após 2013, começaram os testes de sequenciamento completo do cromossomo Y. (ROOTSI, BEHAR, JÄRVE *et al.*, 2013). Somente em 2022 o cromossomo Y teve o sequenciamento completo finalizado, Telomere-to-Telomere (T2T) Consortium. The complete sequence of a human genome (NURK, 2022).

A importância dos testes genéticos vendidos para a comunidade nas descobertas dos novos ramos e subgrupos é relevante. Houve milhares de novos ramos filogenéticos nos principais haplogrupos europeus e asiáticos, além de muitas outras importantes contribuições, como na descoberta inédita do que foi classificado como o haplogrupo A00, um novo ramo basal africano, o mais basal de todos na árvore filogenética, descoberto a partir do teste de Albert Perry, um afro-americano da Carolina do Sul. Estados Unidos (MENDEZ, KRAHN T, SCHRACK *et al.*, 2013; Y-HAPLOGROUP, 2022)

Para junho de 2022 a FTDNA contabilizava mais de 513 mil variantes no haplotree do Y-DNA, a árvore filogenética masculina. A decisiva contribuição de milhares de genealogistas genéticos investigando suas famílias e linhagens. (RUNSTRÖM, 2022). Um imenso crescimento desde as primeiras árvores filogenéticas do Y Chromosome Consortium (YCC) na primeira década deste século. (Y CROMOSOME, 2022).

## **ADN mitocondrial**

O sequenciamento do mitocondrial humano, a investigação do ADN mitocondrial completo, foi feito pela primeira vez em 1981. (ANDERSON, BANKIER *et al.*, 1981).

Um uso prático ocorreu na identificação de polêmico caso histórico, em 1994, um marco com tentativa de identificação da família Romanov, na Rússia. (GILL; IVANOV; KIMPTON ET AL, 1994) Os referidos resultados foram confirmados com base em novas técnicas em 2011. (COBLE, 2011).

O primeiro caso de aplicação forense do ADN-Mitocondrial na qualidade de evidência científica e jurídica ocorreu em 1996. (DAVIS, 1998).



Os testes também revelaram a presença de componentes genéticos de antigas populações extintas, como no reconhecimento do ADN mitocondrial de origem indígena e nativa, em Porto Rico, 2003. Taino mtDNA em Porto Rico, antes considerado “extinto”, mas presente na população local, o que gerou vários comportamentos e movimentos sociais identitários. No ano de 2004 foi criada uma das primeiras bases de dados de consulta pública na internet - a "mitosearch" Family Tree DNA announces the launch of Mitosearch, a public database of mitochondrial DNA records (MITOSEARCH, 2004).

Em 2012 houve uma proposta de referência pelo mitocondrial mais basal nas raízes africanas. (BEHAR, OVEN, 2012). Várias árvores mitocondriais foram apresentadas e listadas em várias classificações. (OVEN, 2009) Identificação de vários personagens históricos. Kennedy, Maev (4 February 2013). "Richard III: DNA confirms twisted bones belong to king". The Guardian. Archived from the original on 8 January 2019.

Novos haplogrupos mitocondriais, como o L7 africano, continuam sendo reestruturados. (MAIER, GÖRAN, ESTES, VILAR, 2022).

### **Genealogia genética no Brasil**

No Brasil houve uma grande divulgação científica nas pesquisas sobre genealogia genética a partir dos textos do geneticista Sérgio Pena. Nesse sentido, tem-se o artigo *Retrato Molecular do Brasil*, de Sérgio D. J. Pena, Denise R. Carvalho-Silva, Juliana Alves-Silva, Vânia F. Prado e Fabrício R. Santos, divulgado pela revista *Ciência Hoje*. (PENA, CARVALHO-SILVA ET. AL, 2000). O referido autor, Sérgio Pena, também contribuiu com a divulgação do tema através do livro *“Homo Brasilis”. Aspectos Genéticos, Linguísticos, Históricos e Socioantropológicos da Formação do Povo Brasileiro*. publicado em 2002. (PENA, 2002). Na obra, desenvolveu a ideia dos primeiros resultados de haplogrupos e diferenças nas origens entre haplogrupos paternos e maternos.

Com os avanços no sequenciamento de genomas a presença das misturas brasileiras podem ser analisadas em pesquisas como o artigo de Naslavsky, Scliar, Yamamoto *et al.*, publicado na *Revista Nature*, onde fora apresentado o sequenciamento de 1171 idosos de São Paulo, revelando

as proporções entre misturas de origens europeias, indígenas americanas, africanas e asiáticas orientais, em diferentes composições e formas. (NASLAVSKY, SCLIAR, YAMAMOTO, 2022).

### **O uso forense: desvendando crimes**

Serviços para genealogistas genéticos revelaram um imenso potencial de uso, como o GEDMATCH, criado em 2010 pelo empresário Curtis Rogers, e pelo engenheiro John Olson, para auxiliar genealogistas para encontrarem parentes e quem mais o utilizasse, como pessoas adotadas. Os participantes de testes genéticos voluntariamente depositavam seus resultados e podiam utilizar as ferramentas de buscas e correspondências para encontrarem parentescos genéticos. Em 2018 alcançava 929 mil perfis genéticos em resultados, uma das maiores bases de livre acesso para interessados. (ZHANG, 2018). No final de 2019 foi adquirido pela companhia Verogen, com mais de um milhão e duzentos mil resultados, segundo Judy G. Russell. (GEDMATCH, 2022a). Todo um debate ético, jurídico, científico, social e político foi desenvolvido. Centenas de casos foram resolvidos, segundo apontamentos de Daniel Gross, em 2019. (GEDMATCH, 2022b)

Com o aumento da popularidade dos testes de genealogia genética e o avanço nas pesquisas foi possível a identificação de perfis individuais a partir de amostras comparadas nas grandes bases de dados, através dos refinamentos de potenciais parentescos. A genealogia genética forneceu provas para a identificação de famosos criminosos em série do passado, como o “Golden State Killer”, Joseph James DeAngelo, descoberto em 2018, com 72 anos de idade. (CHAMARY, 2020). Barbara Rae-Venter, bióloga e genealogista genética contribuiu no processo e em outros a exemplo de Bear Brook. (AUGESTEIN, 2017; MAHER, 2018).

O Y-ADN tem sido importante marcador na genealogia genética e nas investigações forenses. (KNIJFF, 2022; GUERRINI, WICKENHEISER *et al.*, 2021). Algumas empresas com laboratórios genéticos se especializaram na análise e investigação de ADN em pequenas quantidades, material degradado e traços de materiais contaminados, como a Othram, dos Estados Unidos. A Othram construiu com informações importantes e descreve casos resolvidos no seu site. (JUSTICE, 2022; FEATURED, 2022).

Na atividade de mapeamento genético também há identificação de “cold cases”, antigos casos, alguns com mais de cem anos. (MICHAEL, BLATT *et al.*, 2021) Um assassinato surpreendeu os investigadores por 34 anos. Agora, evidências de DNA apontam para um vizinho como seu assassino, diz a polícia, sobre o caso de Diane Lynn Dahn. (EBRAHIMJI, 2022)

- Violências sexuais contra crianças e jovens (SPARGO, 2022);
- Crimes (VOGEN, 2022a; VOGEN, 2022b; VOGEN, 2022c);
- Neonaticídios (RAMCHANDANI, 2022)

No Brasil, o uso do ADN também localiza vítimas de crimes do passado. O caso de presos políticos na ditadura militar. MPF deverá ter inquérito para apurar a morte de Nuet, o único caso conhecido de cidadão espanhol morto em 1973 sob a custódia do regime militar brasileiro:

Banco de DNA da Comissão sobre Mortos e Desaparecidos Políticos da Secretaria Especial dos Direitos Humanos da Presidência da República (SEDH/PR). Criado em 2006 pela SEDH, com o apoio do Programa das Nações Unidas para o Desenvolvimento (PNUD), o Banco de DNA atende à reivindicação dos familiares de mortos e desaparecidos políticos, para garantir o direito à verdade e à memória das vítimas da repressão durante a ditadura militar no país (1964-1985). O Genomic, laboratório contratado pela SEDH, coletou amostras de sangue de familiares com parentesco próximo e consanguíneo de mortos ou desaparecidos políticos para posterior comparação com restos mortais encontrados. (MINISTÉRIO, 2008)

Em 2019 foi criada no Brasil a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG), coordenada pelo Ministério da Justiça e Segurança Pública (MJSP), ajudaram na elucidação de 24 investigações no período de um ano - entre novembro de 2020 e novembro de 2021. Com mais de 130 mil perfis em 2021 e vários laboratórios de genética nos estados brasileiros. (PACHECO, 2021). O caso da localização dos restos do menino Evandro Ramos Caetano, desaparecido em 1992 e localizado somente em 2022. (FILIPPIN, ZIMMERMANN, 2022)

Quanto maior as bases de dados, oficiais, comunitárias ou privadas, maior será a identificação de perfis genéticos familiares e individuais. Na Argentina, um pioneiro livro síntese de Vivana Bernath, *ADN el detector de mentiras. Infidelidad, adopción, herencia, diagnóstico de enfermedades, reproducción asistida. Como la genetica revolucionó nuestras vidas* traz

importante contribuição a respeito de padrões genéticos familiares. (BERNATH, 2011). Como exemplo do caso argentino, tem-se a recuperação de identidade de Guilherme Amarilla Molfino, completando o 98º caso concluído (SCIENCE, 2022).

- Assassinos, criminosos e vítimas foram identificadas nos últimos anos. (DOWDESWELL, 2022)
- Muitos adotados encontraram suas famílias biológicas. (ADOPTION, 2022; PETRONE, 2015).

### **Origens e geografias genéticas. Ancestralidade étnica e parentescos**

Toda população é uma mistura de outras populações também misturadas, esta é a posição científica de Davi Reich, da Universidade de Harvard, um dos maiores pesquisadores no campo da genética histórica. (SHAW, 2022). Não há nenhum sentido em se falar de populações “mais ou menos puras” ou “raças”, até mesmo porque a diversidade genética na África é maior que em todos os outros continentes. A genealogia genética identifica as correspondências e combinações (matches) de todos marcadores genéticos e suas localizações geográficas, sociais, religiosas, linguísticas e políticas. As fronteiras são construções históricas, sociais e políticas. O Y-ADN, o mtADN, o cromossomo X e o somático entre os cromossomos 1 a 22. Pelas combinações a distância genética pode ser estimada em termos de gerações e de proximidade. O genoma revela as desigualdades nas misturas do passado. (MOURA, SANTOS FILHO, LIMA, 2022). Neandertais, denisovans e antigas populações pré-históricas e históricas têm sido conhecidos, investigados e mapeados. Quase todas regiões do mundo já têm artigos científicos sobre as suas antigas populações e as composições das diferentes misturas genéticas no povoamento e dispersão demográfica ao longo dos milênios (ADN ANTIGO, 2022).

Em 1991 houve a notícia sobre a primeira conferência sobre ADN antigo, “Receita para um Dinossauro”, “Recipe for a Dinosaur”, no jornal New York Times. Logo o ADN antigo se tornaria uma realidade. (SCIENTISTS, 1991). Um dos primeiros objetos de investigação foram os neandertais, até o sequenciamento completo com o geneticista pioneiro Paabo. “História da nossa evolução sob uma nova luz Os neandertais estão vivos - em nós! Os métodos mais recentes

de investigação permitiram a Svante Pääbo e sua equipe provar que restos de DNA arcaico ainda podem ser encontrados em humanos modernos: cerca de dois por cento do nosso genoma provém dos neandertais”. (HISTORY, 2022). Uma nova espécie de homínido foi descoberta na caverna de Denisova, na Sibéria, antes desconhecida pela ciência. Genomas pesquisados foram disponibilizados no GenBank. (KRAUSE, FU, GOOD et al. 2010; SANKARARAMAN, MALLICK, 2016; SLON, MAFESSONI, VERNOT et al., 2018).

Demografia pré-histórica. Um novo campo de pesquisas e investigação complementando a arqueologia e linguística sobre as origens e movimentos migratórios mais antigos. Otzi, a múmia encontrada nos Alpes Orientais, na região do Tirol, foi sequenciado em 2012. (KELLER, GRAEFEN, BALL et al., 2012). Somente a investigação genética de ossadas e restos humanos pode esclarecer importantes movimentos pré-históricos, como as migrações de agricultores até a Europa do Norte. (NICHOLLS, 2012). Em 2013 foi sequenciado o genoma de um menino siberiano de cerca de 24.000 anos, o indivíduo classificado como (MA-1), Mal'ta na Sibéria. (RAGHAVAN, SKOGLUND, Graf, et al., 2014) Alelos de pigmentação do mesolítico começaram a ser estudados. (OLALDE, ALLENTOFT, SÁNCHEZ-QUINTO et al., 2014) Estruturas de antigos grupos genéticos foram descobertas. Grandes grupos, com diferentes misturas e formações, caçadores-coletores, agricultores e antigos euroasiáticos do norte, depois pastoralistas da estepe. (LAZARIDIS, PATTERSON, MITTNIK et al., 2014; JONES, GONZALEZ-FORTES, CONNELL et al. 2015). A questão da genética das estepes e possíveis ligações com a língua Indo-Europeia. (HAAK, LAZARIDIS, PATTERSON, OHLAND et al., 2015). As populações do Levante - cultura natufiana, Anatólia. (LAZARIDIS, NADEL, ROLLEFSON et al., 2016). As populações e a grande diversidade da África - África do Norte – (SIRAK, SAWCHUK, PRENDERGAST, 2022; LOOSDRECHT, BOUZOUGGAR et al., 2018), Japão. (COOKE, 2021). China. (GENOMIC, 2021), Oceania. (CALLAWAY, 2018; OLIVEIRA, NÄGELE, 2022), Índia. (VASANT; NARASIMHAN, ROHLAND et al., 2019). Novos estudos bioarqueológicos e paleogenômicos sobre o Império Romano e Pompeia. (SCORRANO, VIVA, PINOTTI et al. 2022). Pesquisa sobre o povoamento e as antigas populações na formação do Caribe (FERNANDES, 2021). Começam pesquisas sobre o surgimento da “Yersinia pestis”, as origens de “pestes” no passado, na Idade do Bronze (RASMUSSEN, ALLENTOFT, NIELSEN,

ORLANDO, SIKORA, SJÖGREN et al., 2015) e na Idade Média (CURSINO, 2022). Uma investigação entre dinâmicas patogênicas e ADN antigo. (TONCHEVA, MARINOVA et al., 2022). Toda população é uma mistura genética. Artigo de 2022 mostra as misturas na formação das populações de judeus asquenazes na Europa. Genome-wide data from medieval German Jews show that the Ashkenazi founder event pre-dated the 14th century (WALDMAN, 2022)

Um dos mais esperados artigos do ano de 2022 foi “The genetic history of the Southern Arc: A bridge between West Asia and Europe”, com Iosif Lazaridis, David Reich, e quase duzentos autores, um dos mais importantes artigos sobre as origens das línguas Indo-Europeias e Indo-Anatólicas (LAZARIDIS, 2022).

### **Antiga História Genética do Brasil**

Origens populacionais e antigas migrações no Brasil. As primeiras amostras de ADN antigo no Brasil foram publicadas em 2015. (SANTOS, 2020; RAGHAVAN, 2015; MORENO MAYAR et al., 2018a; MORENO-MAYAR et al., 2018b; POSTH, 2018). Novas pesquisas investigam as origens e os movimentos indígenas no povoamento do Litoral do Brasil: O estudo da PNAS reforça a segunda hipótese. Os dados genéticos sugerem a ocorrência de duas ondas migratórias com origem na mesma região e quase simultâneas.

“São informações da biologia corroborando a hipótese de Brochado quase 50 anos mais tarde”, lembra o arqueólogo Eduardo Góes Neves, da USP, que realiza escavações na Amazônia com o objetivo de compreender a expansão tupi. “Dados arqueológicos que obtivemos nos últimos 10 anos favorecem uma explicação mista: o centro de dispersão estaria no sudoeste da Amazônia, como primeiro sugeriu Métraux, mas a separação dos ancestrais dos Tupi da costa e dos Tupi do sul teria ocorrido ainda na Amazônia, como propôs Brochado”. (SILVA et al., 2020).

A contribuição da genética para o debate das cotas na interpretação de Sérgio Pena e Maria Cátira Bortolini. (PENA, BORTOLINI, 2004) Estudos de DNA mitocondrial em populações remanescentes de quilombos do Vale do Ribeira - São Paulo. Segundo Daniel Rincon, com mestrado em Genética, pela. USP:

Nas doze populações de quilombos, importante contribuição ameríndia (com 49,3% de

linhagens) e africana (49,2% das linhagens) foram detectadas e poucas linhagens europeias foram observadas. Resultados de estudos sobre a origem do cromossomo Y, realizados nas mesmas comunidades do Vale do Ribeira por nossa equipe contrastam com as análises de DNA mitocondrial, pois indicaram reduzida contribuição ameríndia. (RINCON, 97, 2009)

Segundo Souza (2003): “Esses marcadores moleculares indicaram uma contribuição masculina provavelmente africana nos quilombos, em frequências que variaram de 11 a 55%. Somente em Pedro Cubas, a frequência de cromossomos Y de origem africana superou a frequência de cromossomos Y de origem europeia.” Branco pelo lado paterno, negro pelo materno. (MOON, 2017). A maior concentração de remanescentes de quilombos no Estado de São Paulo fica no Vale do Ribeira. São dezenas de comunidades que, estima-se, foram criadas na primeira metade do século 19. Segundo Moon: Descobriu-se que cerca de 65% dos cromossomos Y naquelas comunidades são de origem europeia, 32% são africanos e 6% de nativos americanos. Daí se depreende que a maioria dos homens descende de escravos homens que eram filhos de escravas com seus donos escravocratas.

“O DNA mitocondrial naquelas comunidades é preponderantemente africano, mas também com uma importante porcentagem de participação nativo-americana”, disse Mingroni-Netto. Praticamente não foi detectado DNA mitocondrial europeu. Entre as mães de escravos que originaram esses quilombos, nenhuma era branca. (MOON, 2017).

As pesquisas revelam a importância do Y-ADN de origem portuguesa no Brasil e as origens mitocondriais ameríndias e africanas na formação da população brasileira. Os haplogrupos e marcadores especificamente brasileiros serão conhecidos. Um interessante resultado público foi o do cantor “Seu Jorge”: “O laboratório também rastreou os ancestrais maternos e paternos mais antigos de Seu Jorge. A parte europeia foi encontrada no exame do cromossomo Y, que revela a ancestralidade do lado do pai.” (BBC, 2007).

### **Personalidades históricas começaram a ser sequenciadas**

Y-DNA com precisão, os resultados do sequenciamento completo do Y, com o encadeamento de polimorfismos (single-nucleotide polymorphisms - SNPs) permitem o



rastreamento e o conhecimento detalhado das linhagens masculinas enquanto trajetórias espaciais e históricas. A Universidade de Strathclyde, Glasgow, Escócia, começou um programa de pesquisas sobre a identificação genética de figuras históricas na Escócia (STRATHCLYDE, 2022). Por exemplo, os marcadores associados com Sir John Stewart (1360 – 1445), Sheriff of Bute, o SNP FTT46, importante resultado na pesquisa da genealogia Stewart, da Escócia, um trabalho conjunto entre genealogia convencional e genealogia genética. Segundo o pesquisador Jeffrey V. Nase (NASE, 2022). A determinação das origens filogenéticas da Dinastia Árpád com base no sequenciamento do cromossomo Y de Béla III (NAGY, 2021). A importante família Hunyadi na história da região da Hungria foi geneticamente identificada em 2022. The genetic legacy of the Hunyadi descendants. Dois de seus membros foram pesquisados: Johannes Corvinus e Christophorus Corvinus (NEPARÁCZKI, 2022).

Uma grande base de dados sobre as linhagens masculinas Y-ADN foi criada pelo grupo de genealogistas russos no YFull, em 2013, em que os interessados repassam seus resultados dos testes genéticos para serem entroncados na grande árvore filogenética, inclusive com a identificação nacional e estimativa temporal. Vários projetos também foram criados neste site. (YFull, 2022a; YFull, 2022b).

### **Testes somáticos**

No final de 2007 uma nova companhia, 23andMe, começou a vender testes somáticos com investigação de polimorfismos do Y e mitocondriais, oferecendo os haplogrupos masculinos e femininos básicos. Pela primeira vez os testes somáticos foram oferecidos ao grande público por preços relativamente acessíveis. Em 2008 aperfeiçoaram para uma segunda versão. Um sistema de classificação e de posicionamento foi elaborado pelo teste, inclusive com as origens continentais e regionais. Os testes biogeográficos começaram e tiveram bastante popularidade - "biogeographical" testing. Os testes genéticos apresentam interpretações com algoritmos matemáticos desenvolvidos por empresas do ramo. Os algoritmos são baseados em amostras genéticas que servem para comparar e distinguir diferentes grupos e etnias, com base nos locais e origens onde essas mesmas amostras foram coletadas. Cada empresa desenvolve formas de

algoritmos e o resultado da análise genética sempre apresenta pequenas variações e interpretação nas diferentes empresas genéticas de venda de testes, tipo 23andMe, FTDNA, My Heritage, Ancestry e outras. A interpretação sempre é um processo associativo nos resultados étnicos ou nacionais, que em si são dados objetivos e genéticos. Os participantes começam a investigar parentescos em termos de Centimorgans (cM), unidades de ligação genética entre os indivíduos.

Como todas populações são feitas de misturas de populações antigas, que também eram misturas ainda mais antigas, as interpretações e interseções sempre podem ser colocadas, tipo pessoas de origem portuguesa com resultados parcialmente interpretados como britânicos, até porque populações com histórias próximas compartilham misturas genéticas próximas.

Em 2008 surgem artigos e pesquisas revelando que muitas populações expressam geneticamente suas geografias e espacialidades. (NOVEMBRE, JOHNSON, BRYC *et al.*, 2008; LAO, LU *et al.*, 2008; MOSKVINA, SMITH, IVANOV *et al.*, 2010).

Em outubro de 2009 a 23andMe abriu o “Relative Finder”, um sistema em que o participante podia encontrar parentes pela correspondência de blocos genéticos em seus tamanhos medidos por cM. Em 2010 a FTDNA, lança o Family Finder com características semelhantes. A própria comunidade de genealogistas genéticos com alguns especialistas criam calculadoras para estimativas étnicas, comparando amostras do presente e do passado, de várias formas e maneiras. Muitas calculadoras foram criadas pela comunidade de genealogistas genéticos MDLP. Eurogenes, Dodecad, Harappa World, Ethiohelix, puntDNAL, GedrosiaDNA, Vahaduo e outros com várias finalidades, algumas amadoras e outras com conexões com projetos de pesquisa. (FINALLY, 2017).

Os conceitos de grupos de ancestralidade genética e de similaridade genética no tempo e no espaço são interessantes. (COOP, 2022). Alguns artigos começam a investigar algumas características específicas, da mesma forma que as dos Bajau, da Indonésia e suas capacidades de mergulho (PENNISI, 2018).

Da mesma maneira há pesquisas sobre a adaptação de algumas populações às altas altitudes como no Tibete e nos Andes. (YI, LIANG, HUERTA-SANCHEZ, *et al.*, 2010; STORZ, 2010).

Identities. O que faz alguém nativo americano? (RAB, 2018; BERG, BRADNER, 2018). Alguns autores apontam até mesmo "ameaças" com resultados de testes genéticos. (TERREL,

2018). A genética sempre rediscute identidades genéticas e etnicidades. O que significa ser judeu do ponto de vista genético? (WHAT DOES, 2019; SHARON, 2019). Da mesma maneira as diversas questões sobre ser negro pelo DNA são debatidas. (ZHANG, s.d). A ameaça dos discursos de “supremacistas brancos” e a nova ciência do ADN (HARMON, 2018).

Reconciliando culturas materiais em arqueologia com dados genéticos: A nomenclatura de clusters emergentes da análise arqueogenômica. Alguns dos principais nomes no campo científico são Stefanie Eisenmann, Eszter Bánffy, Peter van Dommelen, Kerstin P. Hofmann, Joseph Maran, Iosif Lazaridis, Alissa Mittnik, Michael McCormick, Johannes Krause, David Reich & Philipp W. Stockhammer. (EISENMANN, BÁNFFY, DOMMELEN, *et al.*, 2018)

O primeiro genoma completo foi recentemente publicado. (LOVELL, GRIMWOOD, 2022).

### **Genealogia, doenças e anomalias genéticas**

Várias doenças geneticamente associadas com genes têm sido pesquisadas em diferentes formas e conteúdos. É o caso do gene BRCA1 (breast cancer 1, early onset), com farta literatura. Reference, Genetics Home. «BRCA1 gene». Genetics Home Reference (em inglês). (BRCA1, 2022). Importantes influenciadores, como a atriz Angelina Jolie, motivaram um aumento dos testes genéticos em 2018. (PARK, KLUGER, 2013).

Alguns tipos de diabetes podem estar associados com diferentes ancestralidades. Há pesquisas científicas sobre diabetes na comunidade afro-americana. (MARSCHALL, 2005; ADEYEMO, ZAGHLOUL, CHEN *et al.*, 2019; BECKER, G VAN EL, IBARRETA *et al.*, 2011)

No Brasil começam investigações sobre doenças genéticas raras no Nordeste em famílias consanguíneas. (REVELADA, 2019).

Doenças genéticas motivam pesquisas sobre a origem genealógica, como é o caso de esclerose (BOODMAN, 2018), de riscos renais, (Nadkarni, Gignoux *et al.*, 2018), de malformações cerebrais como no caso em que faltava no cérebro um tipo inteiro da célula migroglia, resultado de mutações em um único gene, chamado CSF1R. (ZHANG, 2019). Importante ressaltar que a genealogia convencional aplicada com a genealogia genética vem

sendo aplicada desde 1760, na Carolina do Norte. (GALLIONE, DETTER et al., s.d). Há também pesquisas importantes na Islândia. (OSKARSSON, MAGNUSSON, ODDSSON et al., 2022).

Surgem estudos associando a genealogia convencional e a genética:

Usando redes de identidade por descendência (IBD), estimamos a ascendência populacional em larga e fina escala de portadores de alelos de risco e seus parentes. A análise das rotas de migração ancestrais revela ancestrais que habitaram a Dinamarca em 1700, migraram para o nordeste dos Estados Unidos no início de 1800 e viajaram pelo Centro-Oeste para chegar a Utah no final de 1800. A análise de datação de alelos baseada em DII/coalescentes revela uma origem relativamente recente do alelo de risco de FA (~ 5.000 anos). Assim, nossa abordagem amplia o escopo de estudo de alelos de suscetibilidade a doenças para o contexto de migração humana e origens ancestrais. (HATELEY, LOPEZ-IZQUIERDO, JOU *et al.*, 2021)

Vários livros e artigos avançam na relação entre doenças genéticas e testes genéticos. Grandes bancos de dados genéticos se organizam em vários países e de várias formas, a exemplo do GenBank nos Estados Unidos (GENEBANK, 2022) e como o UK Biobank no Reino Unido (UKA BIOBANK, 2022), com diversas modalidades de dados e utilidades científicas e farmacêuticas.

### **Considerações finais**

Desde que foi criada e implementada neste século, a genealogia genética já apresentou grande desenvolvimento e vários aperfeiçoamentos, em contínua evolução científica e tecnológica. A capacidade de investigação cada vez fica mais refinada e com melhores qualidades, como observamos nas descrições e análises investigando o cromossomo Y-ADN, o ADN mitocondrial, o cromossomo X, os cromossomos somáticos, os haplogrupos e as árvores filogenéticas em várias bases de dados. Como atividade científica, comunitária, recreativa, associativa e identitária, promove novo campo de conhecimento e integração social entre pessoas das mais diferentes gêneses. A parte da ancestralidade revelando parentescos, origens étnicas e haplogrupos em graus variados em suas interpretações, progressivamente refinadas. As partes forense e médicas também apresentam constante crescimento e acuidade, revelando muitos interesses práticos para várias finalidades. Um grande número de indivíduos adquirindo testes

genéticos direto ao consumidor, dezenas de milhões de testes vendidos, também promovem forte base de inovação e interesses comerciais para outros novos testes e projetos na área da genética. Quando cientificamente aplicada, a genealogia genética combate racismos, a genética revela que não existem "raças puras", nem grupos étnicos completamente isolados uns dos outros. A genealogia genética também revela as origens das misturas genéticas e dos diferentes haplogrupos, que formam todas as populações modernas e todos os seres humanos, com novidades e surpresas nos processos, trajetórias e migrações ao longo dos séculos e milênios. No futuro, esta ciência social e genética, avançará ainda muito mais. Avançará para ser ainda mais sofisticada e sempre incorporando novas informações de bastante interesse para a etnogênese de todas as populações, para a análise de identidades e parentescos, para a prevenção de doenças, escolhas de medicamentos e legítimas práticas forenses na busca da verdade de crimes ocultos pelo anonimato, agora revelados e identificados individualmente. Novos testes trarão novos interesses, novos consumidores e mais participações nas próximas décadas.

## Referências

23MOFANG, 2022. **China**. Disponível em: <https://www.23mofang.com/shop/yfull-noreport>. Acesso em: 4 ago. 2022.

ADEYEMO, A. A.; ZAGHLOUL, N. A.; CHEN, G. *et al.* ZRANB3 is an African-specific type 2 diabetes locus associated with beta-cell mass and insulin response. **Nature Communication**, v. 10, n. 3195, 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1038/s41467-019-10967-7>>. Acesso em: 19 jun. 2022.

ADOPTION success stories. **International Society of Genetic Stories**. Disponível em: [https://isogg.org/wiki/Adoption\\_success\\_stories](https://isogg.org/wiki/Adoption_success_stories). Acesso em: 20 jun. 2022.

ANDERSON, Claire. 'Help me find my 1,000 siblings': Dutch man searches for hundreds of brothers and sisters after DNA test reveals he is son of 'super sperm donor' who regularly donated for three years. **Mail Online**, 19 set. 2018. Disponível em: <https://www.dailymail.co.uk/news/article-6221423/Dutch-man-searches-hundreds-brothers-sisters-DNA-test-reveals-son-donor.html>. Acesso em: 15 jul. 2022.

ADN ANTIGO. **Banco de dados de artigos genéticos sobre populações antigas**. 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.5281/zenodo.7019019>. Acesso em: 24 ago. 2022

ANDERSON, S.; BANKIER, A. T.; BARRELL, B. G.; BRUIJN, M. H. de; COULSON, A. R.; DROUIN, J.; Eperon, I. C.; NIERLICH, D. P.; ROE, B. A.; SANGER, F.; SCHREIER, P. H.; SMITH, A. J.; STADEN, R. Young IG (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. **Nature**, v. 290, Issue 5806, p. 457–465, 1981.

AUGESTEIN, Seth. The Tale of the Abandoned Girl's DNA that Led to a Notorious Cold Case. **Never Forget Me**, 2 jul. 2017. Disponível em: <https://www.facebook.com/WeWontForgetThem/posts/1670907726256591>. Acesso em: 20 jun. 2022.

BBC. **Se fosse 100% negro, lutaria por indenização'** Carolina Glycerio De São Paulo. 30 de maio, 2007. Disponível em: [https://www.bbc.com/portuguese/reporterbbc/story/2007/05/070409\\_dna\\_seujorge\\_cg](https://www.bbc.com/portuguese/reporterbbc/story/2007/05/070409_dna_seujorge_cg). Acesso em: 24 nov. 2022.

BEHAR, Doron M.; OVEN, Van M. *et al.* "A "Copernican" Reassessment of the Human Mitochondrial DNA Tree from its Root". **The American Journal of Human Genetics**, 6 abr. 2012, v. 90, n. 4. p. 675–684. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0002929712001462>. Acesso em: 22 jun. 2022.

BECKER, Frauke; G VAN EL, Carla; IBARRETA, Dolores *et al.* Genetic testing and common disorders in a public health framework: how to assess relevance and possibilities. **European Journal Human Genetics**, v. 19, 2011, p. 6–44, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/ejhg.2010.249>. Acesso em: 23 jun. 2022.

BERG, Rebecca; BRADNER, Eric. Elizabeth Warren. **Releases DNA test with 'strong evidence' of Native American ancestry**. CNN Politics, 15 out. 2018. Disponível em: <https://edition.cnn.com/2018/10/15/politics/elizabeth-warren-dna-test-native-american/index.html?no-st=1539615394>. Acesso em: 23 jun. 2022.

BERNATH, Viviana. **ADN el detector de mentiras. Infidelidad, adopción, herencia, diagnóstico de enfermedades, reproducción asistida. Como la genética revolucionó nuestras vidas traz importante contribuição a respeito de padrões genéticos familiares**. Buenos Aires: Editora Debate, 2011.

BOODMAN, Eric. STAT. **Special Report**, 5 ago. 2018. Disponível em: <https://www.statnews.com/2018/08/05/appalachian-odyssey-hunting-for-als-genes/>. Acesso em: 10 jun. 2022.

BRASIL. **Family Tree DNA**. Disponível em: <https://www.familytreedna.com/groups/brasil/about/background>. Acesso em: 15 jul. 2022.

BRCA1 gene. Normal function. **Medline Plus**. Disponível em:

<https://medlineplus.gov/genetics/gene/brca1/#location>. Acesso em: 22 jul. 2022.

BUTLER, John. M. "Recent Developments in Y- Chromosome Analysis of Y-STRs and Y-SNPs". AAFS Y Chromosome Workshop February 12, 2002. **National Institute of Standards and Technology**. Disponível em: [strbase.nist.gov/ppt/AAFS%20Y%20Talk.PDF](http://strbase.nist.gov/ppt/AAFS%20Y%20Talk.PDF). Acesso em: 21 jun. 2022

CALLAWAY, Ewen. Ancient DNA offers clues to remote Pacific islands' population puzzle. Genomic studies provide details about the complex peopling of Vanuatu — one of the last places on Earth reached by humans. **Nature**, 1 mar. 2018, correção 5 mar. 2018. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/d41586-018-02620-y>. Acesso em: 21 jun. 2022.

CHAMARY, J. V. How genetic genealogy helped catch the golden state killer. **Forbes**, 30 jun. 2020. Disponível em: <https://www.forbes.com/sites/jvchamary/2020/06/30/genetic-genealogy-golden-state-killer/?sh=7f2c382a5a6d>. Acesso em: 20 jun. 2022.

CHIU, Molly. Family secrets exposed: genetic testing reveals unknown relatives. **Baylor College of Medicine**. 24 fev. 2022. Disponível em: <https://www.bcm.edu/news/family-secrets-exposed-genetic-testing-reveals-unknown-relatives>. Acesso em: 12 jul. 2022.

COBLE, Michel. The identification of the Romanovs: Can we (finally) put the controversies to rest?. **Investigative Genetics**, set. 2011, v. 2, n. 1, p. 20.

COOKE, Niall P et al. Ancient genomics reveals tripartite origins of Japanese populations. **Science Advances**. Disponível em: <https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.abh2419>. Acesso em: 2 ago. 2022.

COOP, Graham. Genetic similarity and genetic ancestry groups. **GCBias**, 12 jul. 2022. Disponível em: <https://gcbias.org/2022/07/12/genetic-ancestry-groups-and-genetic-similarity/>. Acesso em: 12 ago. 2022.

COPELAND, Libby. **The Lost Family: How DNA Testing is Upending Who We Are**. Nova York, EUA: Abrams Books, 2020a. 304p.

CURSINO, Malu. Peste Negra: DNA em dentes de 6 séculos revela onde epidemia começou, diz estudo. **BBCNews Brasil**, 16 jun. 2022. Disponível em: <https://www.bbc.com/portuguese/geral-61813064>. Acesso em: 22 jul. 2022.

DAVIS, C. State of Tennessee v. Paul Ware. Davis, C. Leland (1998). Laboratório do FBI. "Mitochondrial DNA: State of Tennessee v. Paul Ware" (PDF). **Profiles in DNA**. Gene Print, v. 1, n. 3, p. 6–7, 1998.

DNA databases. International Society of Genetic Genealogy Wiki. Disponível em:



[https://isogg.org/wiki/DNA\\_databases](https://isogg.org/wiki/DNA_databases). Acesso em: 20 jul. 2022.

DNA PIONEER'S 'eureka' moment. **BBCNews**, 9 set. 2009. Disponível em:  
<http://news.bbc.co.uk/2/hi/programmes/newsnight/8245312.stm>. Acesso em: 12 jul. 2022.

\_\_\_\_\_. You can learn a lot about yourself from a DNA test. Here's what your genes cannot tell you. **Time**, New York, 2 mar. 2020b. Disponível em: [https://time.com/5783784/dna-testing-genetics/?fbclid=IwAR2sf\\_6UaVclw3c-J2eTCXBMI6ULFJnesrmuXfHmkzNcqYjZFoIg5Z7GjBc](https://time.com/5783784/dna-testing-genetics/?fbclid=IwAR2sf_6UaVclw3c-J2eTCXBMI6ULFJnesrmuXfHmkzNcqYjZFoIg5Z7GjBc). Acesso em: 18 jul. 2022.

DONNELLY, P.; TAVARÉ, S.; BALDING, D. J.; GRIFFITHS, R. C. Estimating the age of the common ancestor of men from the ZFY intron. **Science**, v. 272, n. 5266, p. 1357-1359, maio 1996.

DOWDESWELL, Tracey Leigh. Forensic genetic genealogy: A profile of cases solved Tracey Leigh. Forensic **Science International FSI Genetics**, v. 58, 102679, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2022.102679>. Acesso em: 12 jun. 2022.

EBRAHIMJI, Alisha. Her murder stumped investigators for 34 years. Now, DNA evidence points to a neighbor as her killer, police say. **CNN**, US, 18 mar. 2022. Disponível em: <https://edition.cnn.com/2022/03/18/us/san-diego-cold-case-solved/index.html>. Acesso em: 14 jun. 2022.

EISENMANN, S.; BÁNFFY, E.; VAN DOMMELEN, P. *et al.* Reconciling material cultures in archaeology with genetic data: The nomenclature of clusters emerging from archaeogenomic analysis. **Scientific Reports**, v. 8, n. 13003, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-018-31123-z>. Acesso em: 22 jul. 2022.

ERLICH, Yaniu; SHOR, Tal; PE'ER, Itsik; CARMI, Shai. Identity inference of genomic data using long-range familial searches. **Science**, v. 362, issue 6415, p. 690-694, 11 out. 2018. Disponível em: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.aau4832>. Acesso em: 12 jul. 2022.

FEATURED cases. **DNASolves.com**. Disponível em: <https://dnasolves.com/articles/>. Acesso em: 21 jul. 2022.

FERNANDES, D.M., Sirak, K.A., Ringbauer, H. et al. A genetic history of the pre-contact Caribbean. **Nature** 590, 103–110, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-03053-2>. Acesso em: 20 jul. 2022.

FILIPPIN, Natalia; ZIMMERMANN, Ana. Caso Evandro: identificação de ossada de menino desaparecido há 30 anos faz ressurgir história de criança que sumiu na mesma região do Paraná. **G1.Globo**. Disponível em: <https://g1.globo.com/pr/parana/noticia/2022/06/10/caso-evandro-encontro-de-ossada-de-menino-desaparecido-ha-30-anos-faz-ressurgir-historia-de-crianca-que->

sumiu-e-morreu-na-mesma-regiao-do-parana.ghml. Acesso em: 22 jul. 2022.

FINALLY gedmatch admixture guide. **Genealogia Musings**. 6 abr. 2017. Disponível em: <http://genealogical-musings.blogspot.com/2017/04/finally-gedmatch-admixture-guide.html>. Acesso em: 22 jun. 2022.

FOSTER, E. A.; JOBLING, M. A.; TAYLOR P. G., DONNELLY, P. de Knijff; MIEREMET, R.; ZERJAL, T.; TYLER-SMITH, C. Jefferson fathered slave's last child. **Nature**, 1998 Nov 5; v. 396, Issue 6706, p. 27-, 5 nov. 1998. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9817200/>. Acesso em: 16 jul. 2022.

FOSTER, E. A.; JOBLING, M. A.; TAYLOR P. G., DONNELLY, P. de Knijff; MIEREMET, R.; ZERJAL, T.; TYLER-SMITH, C. The Thomas Jefferson paternity case. **Nature**, v. 397, Issue 6714, p. 32, 7 jan. 1999. Disponível em: [https://econpapers.repec.org/article/natnature/v\\_3a397\\_3ay\\_3a1999\\_3ai\\_3a6714\\_3ad\\_3a10.1038\\_5f16181.htm](https://econpapers.repec.org/article/natnature/v_3a397_3ay_3a1999_3ai_3a6714_3ad_3a10.1038_5f16181.htm). Acesso em: 18 jul. 2022.

GALLIONE, Carol J.; DETTER, Matheu R. *et al.* Genetic Genealogy Uncovers a Founder Deletion Mutation in the Cerebral Cavernous Malformations2 Gene. **Research Square**. 20 dez. 2021. Disponível em: <https://www.researchgate.net/deref/https%3A%2F%2Fdoi.org%2F10.21203%2Frs.3.rs-1167740%2Fv1>. Acesso em: 20 jun. 2022.

GEDMATCH. International Society of Genetic genealogy Wiki. Disponível em: <https://isogg.org/wiki/GEDmatch>. Acesso em: 10 jun. 2022a.

GEDMATCH. Disponível em: <https://en.wikipedia.org/wiki/GEDmatch>. Acesso em: 12 jun. 2022b.

GENEBANK Overview. **National Center for Biotechnology Information**. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>. Acesso em: 21 jun. 2022.

GENERA. Disponível em: <https://www.genera.com.br/>. Acesso em: 01 ago. 2022.

GENETIC genealogy 1980 to 1989. International Society of Genetic Genealogy Wiki. Disponível em: [https://isogg.org/wiki/Timeline:Genetic\\_genealogy\\_1980\\_to\\_1989](https://isogg.org/wiki/Timeline:Genetic_genealogy_1980_to_1989). Acesso em: 16 jul. 2022.

GENETIC GENEALOGY before 1980. International Society of Genetic Genealogy Wiki. Disponível em: [https://isogg.org/wiki/Timeline:Genetic\\_genealogy\\_before\\_1980](https://isogg.org/wiki/Timeline:Genetic_genealogy_before_1980). Acesso em: 17 jul. 2022.

GENOMIC insights into the origin of pre-historic populations in East Asia Integrating evidence from genetics and archaeology researchers shed light on East Asia's population history. **Max**

**Planck Gesellschaft**. 22 fev. 2021. Disponível em: <https://www.mpg.de/16470802/0222-evan-genomic-insights-into-the-origin-of-pre-historic-populations-in-east-asia-150495-x>. Acesso em: 16 jul. 2022.

GILLf, P.; Ivanov, P. L.; Kimpton, C.; Piercy, R.; Benson, N.; Tully, G.; Evett, I.; Hagelberg, E.; Sullivan, K. Identification of the remains of the Romanov family by DNA analysis. **Nature Genetics**, v. 6, n. 2, p. 130-5, fev. 1994.

GREENSPAN, Benett. National Genealogical Society Quarterly. **US National Genealogical Society**. 2005; 93 (1-4), p248. Disponível em: [https://isogg.org/wiki/Family\\_Tree\\_DNA#cite\\_note-5](https://isogg.org/wiki/Family_Tree_DNA#cite_note-5). Acesso em: 22 jul. 2022.

GUERRINI, Cristi *et al.* Family secrets: Experiences and outcomes of participating in direct-to-consumer genetic relative-finder services. **The American Journal of Human Genetics**, v. 109, 3 mar. 2022, p. 486-497. Disponível em: [https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297\(22\)00013-1](https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297(22)00013-1). Acesso em: 12 jul. 2022.

GUERRINI, Christi; WICKENHEISER, Ray A. Four misconceptions about investigative genetic genealogy. **Jornal of Law and the Biosciences**, 13 abr. 2021. Disponível em: <https://academic.oup.com/jlb/article/8/1/ljab001/6188446?fbclid=IwAR3QohyxW-tTUSMyh0htseetuEEP7TTSeruDRtGnW-0MHQvMwDZ9fKJdrEM>. Acesso em: 20 jun. 2022.

HAACK, Wolfgang; LAZARIDIS, Iosif; PATTERSON, Nick; ROHLAND, Nadin et al. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. **Nature**, v. 522, n. 7555, 11 juh. 2015. p. 207-211. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5048219/>. Acesso em: 20 jul. 2022.

HAMMER, F. Michael; BEHAR, Doron M.; KARAFET, Tatiana M.; MENDEZ, Fernando L. *et al.* Extended Y Chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. **Human Genetics**, v. 126, n. 5, p. 707-717, ago. 2009.

HARDEN, K. Paige; KOELLINGER, Philipp D. Using genetics for social science. **Nature Human Behaviour**, v. 4, jun. 2020, p. 567-576. Disponível em: [https://www.nature.com/articles/s41562-020-0862-5.epdf?sharing\\_token=ZoXy8OOs6X7N3G-AmvTdFtRgN0jAjWel9jnR3ZoTv00QJpc1n2ZXGWWXQSo3ISe75utxV07TQ\\_YaIZutf1UAE6kNKF7VyxLoLmHm7n98hVHRXMLK4-l0I5hSy5B7ozMViT-m9AzsXVybxc8sNh3PCmrKJWzyMVEUs2SqaLm58s%3D](https://www.nature.com/articles/s41562-020-0862-5.epdf?sharing_token=ZoXy8OOs6X7N3G-AmvTdFtRgN0jAjWel9jnR3ZoTv00QJpc1n2ZXGWWXQSo3ISe75utxV07TQ_YaIZutf1UAE6kNKF7VyxLoLmHm7n98hVHRXMLK4-l0I5hSy5B7ozMViT-m9AzsXVybxc8sNh3PCmrKJWzyMVEUs2SqaLm58s%3D). Acesso em: 10 jul. 2022.

HARMON, Amy. Why White Supremacists Are Chugging Milk (and Why Geneticists Are Alarmed). **The New York Times**, 17 Oct. 2008. Disponível em: <https://www.nytimes.com/2018/10/17/us/white-supremacists-science-dna.html>. Acesso em: 10 ago, 2022.

HARPER, Joyce C.; KENNETT, Debbie; REISEL, Dan. The end of donor anonymity. How genetic testing is likely to drive anonymous gamete donation out of business. **Human Reproduction**, University College London, v. 31, n. 6, abr. 2016. P. 1-6. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/301229367>. Acesso em: 15 jul. 2022.

HATELEY, S.; LOPEZ-IZQUIERDO, A.; JOU, C. J. *et al.* The history and geographic distribution of a KCNQ1 atrial fibrillation risk allele. **Nature Communication**, v. 12, n. 6442, 8 nov. 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41467-021-26741-7>. Acesso em: 23 jun. 2022.

HISTORY of genetic genealogy. Disponível em: [https://isogg.org/wiki/Timeline:History\\_of\\_genetic\\_genealogy](https://isogg.org/wiki/Timeline:History_of_genetic_genealogy). Acesso em: 12 jul. 2022.

HISTORY of our evolution in a new light. Max Planck Gesellschaft. Disponível em: [https://www.mpg.de/11180454/project\\_humanhistory](https://www.mpg.de/11180454/project_humanhistory). Acesso em: 15 jul. 2022.

JOBLING, M. A.; TYLER-SMITH, C. Summarizes current status of Y chromosome research and predicts future applications (genealogical and other). **National Library of Medicine**, v. 11, n. 11, 1995. p. 449-456. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8578602/>. Acesso em: 22 jul. 2022.

JONES, Eppier R.; GONZALEZ-FORTES, Glória; CONNELL, Sarah *et al.* Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians. **Nature Communications**, v. 6, n. 8912, nov. 2015. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ncomms9912>. Disponível em: 21 jun. 2022.

JUSTICE through genomics. **Othram's scientists are experts at recovery, enrichment, and analysis of human DNA from trace quantities of degraded or contaminated forensic evidence.** We enable human identification even when other approaches fail. Othram. Disponível em: <https://othram.com/>. Acesso em: 20 jun. 2022.

KELLER, A.; GRAEFEN, A.; BALL, M. *et al.* New insights into the Tyrolean Iceman's origin and phenotype as inferred by whole-genome sequencing. **Nature Communications**, v. 3, n. 698, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/ncomms1701>. Acesso em: 22 jul. 2022.

KNIJFF, Peter de. On the Forensic Use of Y-Chromosome Polymorphisms. **Genes**, v. 13, n. 5, p. 898, maio 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/genes13050898>. Acesso em: 12 jun. 2022.

KRAUSE, Johannes; FU, Qiaomei; GOOD, Jeffrey M.; VIOLA, Bence; SHUNKOV, Michael V.; DEREVIANKO, Anatoli P.; PÄÄBO, Svante. The complete mitochondrial DNA genome of an unknown hominin from southern Siberia. **Nature**, n. 464, abr. 2010. p. 894-897. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/nature08976>. Acesso em: 20 jun. 2022.

KUHN, Thomas S. **A estrutura das revoluções científicas**. 5. ed. São Paulo: Editora Perspectiva S.A, 1997

LAU, Oscar; LU, Timothy T. Correlation between Genetic and Geographic Structure in Europe. **Current Biology**, - v. 18, Issue 16, p.1241-1248, 26 ago. 2008. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2008.07.049>. Acesso em: 22 jun. 2022.

LARMUSEAU, Maarten H. D. Growth of ancestry DNA testing risks huge increase in paternity issues. **Nature Human Behaviour**, v. 3, n. 5, 2019. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41562-018-0499-9?fbclid=IwAR1tm5ENGuiVEwwKJo-aNr4zUTFLTNSqbWlCVBGsrxYpiFjBxBtURdLjp2k>. Acesso em: 18 jul. 2022.

LAZARIDIS, Iosif; PATTERSON, Nick; MITTNIK, Alissa et al. Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. **Nature**, v. 18, n. 513 (7518), 17 set. 2014. p. 409-413. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4170574/>. Acesso em: 20 jul. 2022.

LAZARIDIS, I.; NADEL, D.; ROLLEFSON, G. et al. Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. **Nature**, 2016, v. 536, p. 419–424. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nature19310>. Acesso em: 21 jul. 2022.

LAZARIDIS, Iosif. The genetic history of the Southern Arc: A bridge between West Asia and Europe. **Science**, v. 377, 26 ago. 2022, Issue 6609. Disponível em <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abm4247>. Acesso em 1 de dezembro de 2022.

LETTERS: ‘My Dad Was Not My Biological Father’. **The Atlantic**, 18 ago. 2018. Disponível em: <https://www.theatlantic.com/letters/archive/2018/08/letters-my-dad-was-not-my-biological-father/566903/>. Acesso em: 15 jul. 2022.

LOOSDRECHT, Taforalt - van de; BOUZOUGGAR, Abdeljalil *et al.* (2018-03-15). Pleistocene North African genomes link Near Eastern and sub-Saharan African human populations. **Science**, v. 360, n. 6388, 15 mar. 2018. p. 548–552. Disponível em: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.aar8380>. Acesso em: 22 jul. 2022.

LOVELL, John T.; GRIMWOOD, Jane. 2022. The first complete human genome Sequences of the human genome have typically included gaps in repetitive regions of DNA. A combination of state-of-the-art technologies has now enabled researchers to generate the first complete human genome sequence. **Nature**, 23 maio 2022. Disponível em: [https://www.nature.com/articles/d41586-022-01368-w?utm\\_source=twit\\_nv&](https://www.nature.com/articles/d41586-022-01368-w?utm_source=twit_nv&). Acesso em: 22 jul. 2022.

MAIER, Paul A.; GÖRAN, Runfeldt; ESTES, Roberta J.; VILAR, Miguel, G. African mitochondrial haplogroup L7: a 100,000-year-old maternal human lineage discovered through

reassessment and new sequencing. **Scientific Reports**, n. 10747, 4 jun. 2022. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41598-022-13856-0>. Acesso em: 14 jun. 2022.

MAHER, Brenda. BARBARA RAE-VENTER: DNA detective. A genealogist helped to identify a serial killer and paved the way for DNA to play a larger part in solving crimes. **Nature**, v. 564, dez. 2018. Disponível em: <https://www.nature.com/immersive/d41586-018-07683-5/index.html>. Acesso em: 21 jun. 2022.

MAN DISCOVERS he has a 40-year-old daughter after taking at-home DNA test. **CBSNews**, 21 ago. 2018. Disponível em: <https://www.cbsnews.com/news/man-discovers-he-has-a-40-year-old-daughter-after-taking-at-home-dna-test/>. Acesso em: 10 jul. 2022.

MARSHALL, M. C. Diabetes in African Americans. **Postgraduate Medical Journal**, v. 81, p. 734-740. 2005. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1136/pgmj.2004.028274>>. Acesso em: 22 jul. 2022.

MENDEZ, Fernando L.; KRAHN T, Thomas; SCHRACK, Bonnie, *et al.* An africanamerican paternal lineage adds an extremely ancient root to the human y chromosome phylogenetic tree. **Am J Hum Genet**, v. 92, n. 3, p. 454–459, 7 mar. 2013. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3591855/>. Acesso em: 20 jun. 2022.

MICHAEL, Amy R.; BLATT, Samantha H.; MARIYAM, Isa; REDGRAVE, Antony; UBELAKER, Douglas H. Identification of a decedent in a 103-year-old homicide case using forensic anthropology and genetic genealogy. **Forensic Sciences Research**, 6 dez. 2021. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/20961790.2022.2034717>. Acesso em: 22 jul. 2022.

MINISTÉRIO PÚBLICO FEDERAL. **DNA confirma: ossada exumada em Perus é do espanhol Miguel Nuet**. 28 ago. 2008. Disponível em: [http://www.mpf.mp.br/sp/migracao/sala-de-imprensa-prdc/noticias\\_prdc/noticia-8046](http://www.mpf.mp.br/sp/migracao/sala-de-imprensa-prdc/noticias_prdc/noticia-8046). Acesso em: 10 jul. 2022.

MITOSEARCH, 2004. Disponível em: [https://isogg.org/wiki/Timeline:Genetic\\_genealogy\\_2003](https://isogg.org/wiki/Timeline:Genetic_genealogy_2003). Acesso em: 8 ago. 2022.

MOON, Peter. Branco pelo lado paterno, negro pelo materno. **Agência Fapesp**. São Paulo, 12 abr. 2017. Disponível em: [//agencia.fapesp.br/branco-pelo-lado-paterno-negro-pelo-materno/25096/](http://agencia.fapesp.br/branco-pelo-lado-paterno-negro-pelo-materno/25096/). Acesso em: 23 jun. 2022.

MORENO-MAYAR, J. Víctor et al. Early human dispersals within the Americas. **Science**, v. 362, n. 6419, p. 1-11, 2018a.

MORENO-MAYAR, J. Víctor et al. Terminal Pleistocene Alaskan genome reveals first founding population of Native Americans. **Nature**, v. 553, n. 7687, p. 203-207, 2018b.



MOSKVINA, V; SMITH, M; IVANOV, D. Genetic Differences between Five European Populations. **Human Heredity**, v. 70, n. 2, p. 141-149, 2010. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20616560/>. Acesso em: 22 jun. 2022.

MOURA, Gisele; SANTOS FILHO, Julio; LIMA, Tatiana. Uma Ferida Colonial Amefricana: DNA Dá Pistas Sobre Ancestralidade Negra e Indígena. **Rio on Watch**, 25 fev. 2022. Disponível em: [https://rioonwatch.org.br/?p=60712&fbclid=IwAR1zL2lyTyva-pJmjMu3-MPNt0z4hKKLIkyZ8fTA35\\_YvqGXI-YtZcPLFnk](https://rioonwatch.org.br/?p=60712&fbclid=IwAR1zL2lyTyva-pJmjMu3-MPNt0z4hKKLIkyZ8fTA35_YvqGXI-YtZcPLFnk). Acesso em: 22 jun. 2022.

MULLIN, Emily. Wired. **Science**, 24 fev. 2022. Disponível em: <https://www.wired.com/story/a-rape-survivor-gave-police-her-dna-they-linked-her-to-another-crime/>. Acesso em: 12 jul. 2022.

NADKARNI, Girish N.; GIGNOUX, Christipher R. *et al.* Worldwide Frequencies of *APOL1* Renal Risk Variants. **The New England Journal of Medicine**. v. 379, p. 2571-2572, 27 dez. 2018. Disponível em: <https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMc1800748>. Acesso em: 21 jun. 2022.

NAGY, P.L., Olasz, J., Neparáczi, E. *et al.* Determination of the phylogenetic origins of the Árpád Dynasty based on Y chromosome sequencing of Béla the Third. *Eur J Hum Genet* 29, 164–172, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41431-020-0683-z>. Acesso em 22 jul. 2022.

NASE, Jeffrey. Comunicação. FTDNA Big Y Group. Disponível em: <https://www.facebook.com/groups/ftdna.big.y/posts/2243668752451539>. Acesso em: 5 ago. 2022.

NASLAVSKY, Michel S.; SCLIAR, Marília O.; YAMAMOTO, G. L. *et al.* Whole-genome sequencing of 1,171 elderly admixed individuals from Brazil. **Nature Communications**, v. 13, n. 1004, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41467-022-28648-3>. Acesso em: 15 jun. 2022.

NEUSTAETER, Brooklyn. 'Not parent expected': When a DNA test brings distressing results. **CTVNews**, 25 maio 2022. Disponível em: <https://www.ctvnews.ca/lifestyle/not-parent-expected-when-a-dna-test-brings-distressing-results-1.5918012>. Acesso em: 20 jul. 2022.

NEPARÁCZKI, Endre *et al.* The genetic legacy of the Hunyadi descendants, **Heliyon**, v. 8, Issue 11, 2022, e11731, ISSN 2405-8440. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e11731>. Acesso em: 2 de dezembro de 2022.

NICHOLLS, Henry. Ancient Swedish farmer came from the Mediterranean Five-thousand-year-old DNA gives insight into the spread of agriculture across Europe. **Nature**, 26 abr. 2012. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/nature.2012.10541>. Acesso em: 20 jun. 2022.



NOVEMBRE, J., JOHNSON, T., BRYC, K. *et al.* Genes mirror geography within Europe. **Nature**, v. 456, p. 98–101, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nature07331>. Acesso em: 22 jul. 2022.

NURK, Sergey. The complete sequence of a human genome. **Science** 31 Mar 2022 Vol 376, Issue 6588 pp. 44-53 DOI: 10.1126/science.abj6987. Disponível em: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abj6987>. Acesso em: 2 de dez. 2022.

OLALDE, Iñigo; ALLENTOF, M. E.; SÁNCHEZ-QUINTO, F. *et al.* Derived immune and ancestral pigmentation alleles in a 7,000-year-old Mesolithic European. **Nature**, v. 13, n. 507, jan./mar. 2014. Disponível em: [https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Netea+MG&cauthor\\_id=24463515](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Netea+MG&cauthor_id=24463515). Acesso em: 21 jul. 2022.

OLIVEIRA, Sandra; NAGELE, Kathrin *et al.* Ancient genomes from the last three millennia support multiple human dispersals into Wallacea. **Nature Ecology & Evolution**, v. 6, 9 jun. 2022. p. 1024-1034. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41559-022-01775-2>. Acesso em: 21 jun. 2022.

OSKARSSON, G. R.; MAGNUSSON, M. K.; ODDSSON, A. *et al.* Genetic architecture of band neutrophil fraction in Iceland. **Communications Biology**, v. 5, n. 525, 1 jun. 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s42003-022-03462-1>. Acesso em: 22 jul. 2022.

OVEN, Van Mannis; KAYSER Manfred. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. **Human Mutation**, v. 30, n. 2, p. 386-394, 2009. Disponível em: <http://www.phylotree.org>. Acesso em: 15 jun. 2022. doi:10.1002/humu.20921

PACEY, Allan A. No more donor secrets in the genomic age. **Human Fertility**, v. 21, Issue, 4, p. 223-224, 2018. Disponível em: [https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/14647273.2018.1533065?fbclid=IwAR1o\\_BEFTb\\_wk2i7KMI86qGRNcY6SCXoI88sZRUiXHhCRX7AsbEz14TF8saM&](https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/14647273.2018.1533065?fbclid=IwAR1o_BEFTb_wk2i7KMI86qGRNcY6SCXoI88sZRUiXHhCRX7AsbEz14TF8saM&). Acesso em: 12 jul. 2022.

PACHECO, John. Perfis de DNA incluídos pelo AP no banco nacional ajudaram a solucionar 24 crimes em 1 ano. **G1.Globo**. 15 dez. 2021. Disponível em: <https://g1.globo.com/ap/amapa/noticia/2021/12/15/perfis-de-dna-incluidos-pelo-ap-no-banco-nacional-ajudaram-a-solucionar-24-crimes-em-1-ano.ghtml>. Acesso em: 21 jun. 2022.

PARK, Alice; KLUGER, Jeffrey. Time. The Angelina Effect. **Time**, 27 maio 2013. Disponível em: <https://time.com/3450368/the-angelina-effect/>. Acesso em: 28 jul. 2022.

PENA, Sérgio; CARVALHO-SILVA, Denise R. ALVES-SILVA, Juliana; PRADO, Vania F.; SANTOS, Fabrício R. Retrato Molecular do Brasil. **Revista Ciência Hoje**, v. 27, n. 159, abr. 2000. Disponível em:

[https://issuu.com/biohoffmann/docs/ci\\_ncia\\_hoje\\_\\_v.27\\_\\_n.159\\_\\_abr\\_\\_2000\\_-\\_retrato\\_mol](https://issuu.com/biohoffmann/docs/ci_ncia_hoje__v.27__n.159__abr__2000_-_retrato_mol). Acesso em: 12 jul. 2022.

PENA, Sérgio. **“Homo Brasilis”. Aspectos Genéticos, Linguísticos, Históricos e Socioantropológicos da Formação do Povo Brasileiro**. Ribeirão Preto, SP: FUNPEC, 2002.

PENA, Sérgio; BORTOLINI, Maria Cátia. Pode a genética definir quem deve se beneficiar das cotas universitárias e demais ações afirmativas? **Estudos Avançados**, v. 18, n. 50, abr. 2004. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-40142004000100004>. Acesso em: 21 jul. 2022.

PENNISI, Elizabeth. **Indonesian divers have evolved bigger spleens to hunt underwater**. Disponível em: <https://www.science.org/content/article/indonesian-divers-have-evolved-bigger-spleens-hunt-underwater>. Acesso em: 12 jul. 2022.

PETRONE, Justin. As Consumer Genomics Databases Swell, More Adoptees Are Finding Their Biological Families. **Genome Web**, 25 set. 2015. Disponível em: <https://www.genomeweb.com/applied-markets/consumer-genomics-databases-swell-more-adoptees-are-finding-their-biological#.YuxeRWTMK1s>. Acesso em: 20 jul. 2022.

POSTH, Cosimo et al. Reconstructing the deep population history of Central and South America. **Cell**, v. 175, n. 5, p. 1185-1197, 2018.

RAB, Lisa. What Makes Someone Native American? One tribe’s long struggle for full recognition. **The Washington Post**, 20 ago. 2018. Disponível em: [https://www.washingtonpost.com/news/style/wp/2018/08/20/feature/what-makes-someone-native-american-one-tribes-long-struggle-for-full-recognition/?noredirect=on&utm\\_term=.072db701a5c6](https://www.washingtonpost.com/news/style/wp/2018/08/20/feature/what-makes-someone-native-american-one-tribes-long-struggle-for-full-recognition/?noredirect=on&utm_term=.072db701a5c6). Acesso em: 23 jul. 2022.

RAGHAVAN, M.; SKOGLUND, P.; GRAF, K. et al. Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. **Nature**, v. 505, 2014. p. 87–91. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nature12736>. Acesso em: 21 jul. 2022.

RAGHAVAN, Maanasa et al. Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans. **Science**, v. 349, n. 6250, 2015. p. 1-10. Disponível em: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.aab3884>. Acesso em: 21 jun. 2022.

RAMCHANDANI, Ariel. Does Gail Ritchey Belong in Prison?. **Mother Jones**, 24 mar. 2022. Disponível em: <https://www.motherjones.com/crime-justice/2022/03/gail-ritchey-neonaticide-trial-geauga-county/>. Acesso em: 20 jul. 2022.

RASMUSSEN, S; ALLENTOFT, M. E.; NIELSEN, K.; ORLANDO, L.; SIKORA, M.; SJÖGREN K, G. et al. (October 2015). "Early divergent strains of *Yersinia pestis* in Eurasia

5,000 years ago". **Cell**, v.163, n. 3, out. 2015. p. 571–82. Disponível em:  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26496604/>. Acesso em: 22 jul. 2022.

REVELADAS origem de mutações que causam doenças raras em famílias consanguíneas. **Jornal da USP**, 19 jan. 2019. Disponível em: <https://jornal.usp.br/ciencias/primos-que-casam-revelada-origem-de-mutacoes-que-causam-doencas-raras-em-familias-consanguineas/?fbclid=IwAR1nyjMMDhQciBv52sryLbZZG1HMs1bMk0exp8P3wWQMwn0hW6o6w0nDJ5I>. Acesso em: 22 jul. 2022.

RINCON, Daniel. **Estudos de DNA mitocondrial em populações remanescentes de quilombos do Vale do Ribeira** - São Paulo. Disponível em:  
<https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/41/41131/tde-22022010-155802/pt-br.php>. Acesso em: 12 jul. 2022.

ROMAN, Jackie. How a DNA test unearthed an unbelievable century-old switched at birth story. **NJ AdvanceMedia for NJ.com**. 19 fev. 2022. Disponível em:  
<https://www.nj.com/news/2022/02/how-a-dna-test-unearthed-an-unbelievable-century-old-switched-at-birth-story.html>. Acesso em: 15 jul. 2022.

ROOTSI, Siiri; BEHAR, Doron M.; JÄRVE, Mari *et al.* Phylogenetic applications of whole Y-chromosome sequences and the Near Eastern origin of Ashkenazi Levites. **Nature Communications**, v. 4, n. 2928, 17 dez. 2013. Disponível em:  
<https://doi.org/10.1038/ncomms3928>. Acesso em: 14 jun. 2022.

RUNSTRÖM, Göran, 2022. Comunicação no Facebook. FTDNA. Disponível em:  
<https://www.facebook.com/photo/?fbid=10160481088028258&set=g.1009907362494357>. Acesso em: 2 de ago. 2022.

SANKARARAMAN, S.; MALLICK, S.; PATTERSON, N.; REICH, D. "The combined landscape of Denisovan and Neanderthal ancestry in present-day humans". **Current Biology**, v. 26, n. 9, 2016. p. 1241–1247. Disponível em: doi:10.1016/j.cub.2016.03.037. PMC 4864120. PMID 27032491. Acesso em: 18 jun. 2022.

SANTOS, André Luiz Campelo dos. **Paleomigrações na América: uma abordagem arqueológica**. 147f. Tese (Doutorado em Arqueologia). Universidade Federal de Pernambuco. Recife, 2020. Disponível em:  
<https://repositorio.ufpe.br/bitstream/123456789/38035/1/TESE%20André%20Luiz%20Campelo%20dos%20Santos.pdf>. Acesso em: 23 jul. 2022.

SAVIN, Alan. **An Introduction to Genetic Genealogy**. 9 nov. 2008.  
<http://www.savin.org/dna/introduction.html>. Acesso em 28 jul. 2022.  
SCIENCE and the Grandmothers: the DNA chains uniting Memory, Truth and Justice. **Buenos Aires Times**, Argentina, 2 jun. 2022. Disponível em:

<https://www.batimes.com.ar/news/argentina/science-and-the-grandmothers-the-dna-chains-uniting-memory-truth-and-justice.phtml>. Acesso em: 10 jul. 2022.

SCIENTISTS Study Ancient DNA for Glimpses of Past Word. **NYTimes**, 25 jun. 1991. Disponível em: <https://www.nytimes.com/1991/06/25/science/scientists-study-ancient-dna-for-glimpses-of-past-worlds.html>. Acesso em: 20 jun. 2022.

SCORRANO, G., VIVA, S., PINOTTI, T. et al. Bioarchaeological and palaeogenomic portrait of two Pompeians that died during the eruption of Vesuvius in 79 AD. **Scientific Reports**, v. 12, n. 6468, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-022-10899-1>. Acesso em: 22 jul. 2022.

SHARON, Jeremy. Supreme Rabbinical Court rules out DNA tests for Jewish status in two cases. **The Jerusalem Post**, Israel, 17 jul. 2019. Disponível em: <https://www.jpost.com/Israel-News/Supreme-Rabbinical-Court-overturns-DNA-testing-for-Jewish-status-twice-595974?fbclid=IwAR0RbTUGh4wIU5MRcvpaqBZK9gJ0MM-UqZTY2YA9ejXbcijMYy8G-viPyRQ>. Acesso em: 21 jul. 2022.

SHAW, Jonathan. Telling Humanity's Story through DNA Geneticist David Reich rewrites the ancient human past. **Harvard Magazine**, jul./ago. 2022. Disponível em: <https://www.harvardmagazine.com/2022/07/feature-ancient-dna>. Acesso em: 2 ago. 2022.

SILVA, M. A. C. et al. Genomic insight into the origins and dispersal of the Brazilian coastal natives. **Pesquisa Fapesp, Genética**, 13 jan. 2020. Disponível em: <https://revistapesquisa.fapesp.br/os-ultimos-tupiniquim/>. Acesso em: 22 jul. 2022.

SIRAK, Kendra A.; SAWCHUK, Elizabeth A.; PRENDERGAST, Mary E. Ancient Human DNA and African Population History. **Oxford Research Encyclopedia of Anthropology**, 18 maio 2022. Disponível em: <https://oxfordre.com/anthropology/view/10.1093/acrefore/9780190854584.001.0001/acrefore-9780190854584-e-484>. Acesso em: 22 juh. 2022.

SKORECKI, Karl; SELIG, Sara; BLAZER, Shraga; BRADMAN, Robert; BRADMAN, Neil; WABURTON, P. J.; ISMAJLOWICZ, Monica; HAMMER, Michael F. "Y chromosomes of Jewish priests". **Nature**, v. 385, Issue 6611, 32, jan. 1997.

SLON, V.; MAFESSONI, F.; VERNOT, B. et al. The genome of the offspring of a Neanderthal mother and a Denisovan father. **Nature**, n. 561, 2018. p. 113–116. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0455-x>. Acesso em: 20 jul. 2022.

SPARGO, Chisti. Gary Hartman, 70, will serve 320 months in prison for the rape and murder of Michella Welch, whose body was found dumped in a gulch near a playground where she had been watching her younger sisters. **Law & Crime**, 23 mar. 2022. Disponível em:

<https://lawandcrime.com/crime/michella-welch-cold-case-murder-rape-conviction>. Acesso em: 16 jul. 2022.

SOUZA, Lúcia Inês Macedo de. **Variabilidade molecular do cromossomo Y em remanescentes de quilombos do Vale do Ribeira**. 105f. Dissertação (Mestrado em Genética). USP, São Paulo, 2003. Disponível em: <https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/41/41131/tde-19032004-091243/pt-br.php>. Acesso em: 21 jun. 2022.

STIVAL, Sephora Luyza Marchesini. Genética recreativa: os testes genéticos direct-to-consumer em Portugal. **Cadernos Ibero-Americanos de Direito Sanitário**, Universidade de Coimbra, Portugal, v. 9, n. 3, jul/set. 2020. Disponível em: <https://www.cadernos.prodisa.fiocruz.br/index.php/cadernos/article/view/655>. Acesso em: 20 jul. 2022.

STORZ, Jay F. Evolution. Genes for high altitudes. **Science**, v. 329, n. 59-87, 2 jul. 2010. p. 1-40. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20595602/>. Acesso em: 22 jul. 2022.

STRATHCLYDE, University. **SNP dating**. Disponível em: <https://www.strath.ac.uk/studywithus/centreforlifelonglearning/genealogy/snpdating>. Acesso 2 ago, 2022.

TERREL, John Edward. Ancestry Tests Pose a Threat to Our Social Fabric Commercial DNA testing isn't just harmless entertainment. It's keeping alive ideas that deserve to die. **Antropology Magazine Sapiens**, 23 ago. 2018. Disponível em: <https://www.sapiens.org/technology/dna-test-ethnicity/>. Acesso em: 24 jul. 2022.

THE DEATH of Family Secret. **Huffpost**, 15 jun. 2019. Disponível em: [https://www.huffingtonpost.co.uk/entry/the-death-of-the-family-secret\\_n\\_5ced846de4b0793c23466ca3?fbclid=IwAR0nS6fxOhc10Q9mGThU\\_ZPGJAuWfAxw5ApUDrm-PtUdiwOlkbrpI7qYw7Q&guccounter=1&guce\\_referrer=aHR0cHM6Ly93d3cuZmFjZWJvb2suY29tLw&guce\\_referrer\\_sig=AQAAAHCMPI4RwRREVxuYYzjEzE39rsgbaUNJkCqOrZnewSng\\_e\\_2kbojdD6RTYw00DfOAgSOgcilBYtln3YAiWerOHXWT9cstZ7hPisbyPIBav9oFq8uiNf\\_Eno uc6gax2hhbnTWzIU1s0-IvFcqURrz2-E6QOE4s\\_XF6ToAkSRBST7U](https://www.huffingtonpost.co.uk/entry/the-death-of-the-family-secret_n_5ced846de4b0793c23466ca3?fbclid=IwAR0nS6fxOhc10Q9mGThU_ZPGJAuWfAxw5ApUDrm-PtUdiwOlkbrpI7qYw7Q&guccounter=1&guce_referrer=aHR0cHM6Ly93d3cuZmFjZWJvb2suY29tLw&guce_referrer_sig=AQAAAHCMPI4RwRREVxuYYzjEzE39rsgbaUNJkCqOrZnewSng_e_2kbojdD6RTYw00DfOAgSOgcilBYtln3YAiWerOHXWT9cstZ7hPisbyPIBav9oFq8uiNf_Eno uc6gax2hhbnTWzIU1s0-IvFcqURrz2-E6QOE4s_XF6ToAkSRBST7U). Acesso em: 12 jul. 2022.

TONCHEVA, Draga; MARINOVA, Maria et al. Spatio-temporal dynamics of pathogenic variants associated with monogenic disorders reconstructed with ancient DNA. **Plos One**, 24 jun. 2022. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0269628>. Acesso em: 22 jun. 2022.

UK BIOBANK. Disponível em: <https://www.ukbiobank.ac.uk/>. Acesso em: 22 jul. 2022.  
VASANT; Shinde; NARASIMHAN, Vagheesh M.; ROHLAND, Nadin et al. An Ancient Harappan Genome Lacks Ancestry from Steppe Pastoralists or Iranian Farmers. **Cell**, v. 179, n. 3.

17 out. 2019. p. 729–735. Disponível em:

[https://pure.mpg.de/pubman/faces/ViewItemFullPage.jsp?sessionId=HmE9Z6uaWarwi0fIUluInB0gbPgQdWnhSeuSJt2P.vm57?itemId=item\\_3174024\\_1&view=EXPORT](https://pure.mpg.de/pubman/faces/ViewItemFullPage.jsp?sessionId=HmE9Z6uaWarwi0fIUluInB0gbPgQdWnhSeuSJt2P.vm57?itemId=item_3174024_1&view=EXPORT). Acesso em: 21 jul. 2022.

VOGEN, Michael. Montgomery County Sheriff's Office Partners with Othram to Identify a 1988 John Doe from North Texas. **DNASolves.com**. 28 fev. 2022. Disponível em: [https://dnasolves.com/articles/charles\\_wane\\_dodd/](https://dnasolves.com/articles/charles_wane_dodd/). Acesso em: 20 jul. 2022.

VOGEN, Michael. Montgomery County Sheriff's Office Partners with Othram to Identify a 1988 John Doe from North Texas. **DNASolves.com**. 24 mar. 2022. Disponível em: [https://dnasolves.com/articles/stacy\\_lyn\\_chahorski/](https://dnasolves.com/articles/stacy_lyn_chahorski/). Acesso em: 20 jul. 2022b.

VOGEN, Michael. Montgomery County Sheriff's Office Partners with Othram to Identify a 1988 John Doe from North Texas. **DNASolves.com**. 2 jun. 2022. Disponível em: [https://dnasolves.com/articles/susan\\_poole/](https://dnasolves.com/articles/susan_poole/). Acesso em: 20 jul. 2022.

WHAT DOES it mean to be genetically Jewish? **The Guardian**, 13 jun. 2019. Disponível: <https://www.theguardian.com/lifeandstyle/2019/jun/12/what-does-it-mean-to-be-genetically-jewish>. Acesso em: 22 jul. 2022.

WALDMAN, Shamam et al. Genome-wide data from medieval German Jews show that the Ashkenazi founder event pre-dated the 14th century. **Cell** 185, Advance Online Publication. (Paper / Supplementary Materials / doi.org/10.1016/j.cell.2022.11.002). Disponível em: [https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674\(22\)01378-2](https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674(22)01378-2). Acesso em 2 de dez. 2022.

WISEMAN, Eva. I discovered I have dozens, probably hundreds, of siblings': Chrysta Bilton's extraordinary family story. **The Guardian**, 10 jul. 2022. Disponível em: <https://www.theguardian.com/science/2022/jul/10/i-discovered-i-have-dozens-probably-hundreds-of-siblings-chrysta-biltons-extraordinary-family-story>. Acesso em: 18 jul. 2022.

Y CHROMOSOME Consortium. International Society of Genetic Genealogy Wiki. Disponível em: [https://isogg.org/wiki/Y\\_Chromosome\\_Consortium](https://isogg.org/wiki/Y_Chromosome_Consortium). Acesso em: 15 jun. 2022.

YFull. International Society of Genetic Genealogy Wiki. Disponível em: <https://isogg.org/wiki/YFull>. Acesso em: 18 jul. 2022a.

YFull. Y-Chr Sequence Interpretation Service. Disponível em: <https://www.yfull.com/>. Acesso em: 20 jun. 2022b.

Y-HAPLOGROUP a Project – Y – DNA Classic Chart. Disponível em: [https://www.familytreedna.com/public/Haplogroup\\_A/default.aspx?section=yresults](https://www.familytreedna.com/public/Haplogroup_A/default.aspx?section=yresults). Acesso em: 15 jun. 2022.



YI, Xin; LIANG, Yu; HUERTA-SANCHEZ, Emilia et al. Sequencing of 50 human exomes reveals adaptation to high altitude. **Science**, v. 329, n. 5987, p. 75-8, 2 jul. 2010. Disponível em: [https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Luosang+J&cauthor\\_id=20595611](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=Luosang+J&cauthor_id=20595611). Acesso em: 21 jul. 2022.

ZHANG, Sarah. How a Tiny Website Became the Police's Go-To Genealogy Database “I never expected anything like this.” **The Atlantic**, Science, 2018.

ZHANG, Sarah. The boy's brain was missing an entire type of cell, called microglia, the result of mutations in a single gene, called CSF1R. **The Atlantic**, Science, 2019. Disponível em: <https://www.theatlantic.com/science/archive/2019/04/boy-born-without-microglia/586912/?fbclid=IwAR0UAwvwmQO9nsOd61pwvtgprciVo9YFi4DVAo55KqihtGLSHofL99GnCSs>. Acesso em: 22 jul. 2022.

ZHANG, Sarah. A Man Says His DNA Test Proves He's Black, and He's Suing. **The Atlantic**, s.d. Disponível em: <https://www.theatlantic.com/science/archive/2018/09/dna-test-race-lawsuit/570250>. Acesso em: 22 jul. 2022.

WAMBAUGH, Joseph. **The Blooding: The True Story of the Narborough Village Murders**. London: Bantam Press, 1989. 288p.

### **Outros sítios informativos**

<https://amtdb.org/>

[https://isogg.org/wiki/DNA\\_databases](https://isogg.org/wiki/DNA_databases)

aYChr-DB: a database of ancient human Y haplogroups Laurence Freeman, Conrad Stephen Brimacombe, Eran Elhaik NAR Genomics and Bioinformatics, Volume 2, Issue 4, December 2020, lqaa081,  
<https://doi.org/10.1093/nargab/lqaa081>  
Published: 09 October 2020

<https://reich.hms.harvard.edu/datasets>

*Recebido em:* 20/11/2022.

*Aceito em:* 05/12/2022.