



## A UTILIZAÇÃO DO DNA MITOCONDRIAL PARA ELUCIDAÇÃO DOS PROCESSOS DE EVOLUÇÃO E VARIABILIDADE GENÉTICA HUMANA

---

Lilian Gomes dos Santos<sup>1</sup> & Rodrigo da Silva Santos<sup>2</sup>

1 – Bióloga e Especialista em Tecnologias Aplicadas para o Ensino de Biologia, Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Goiás. Goiânia, Brasil

2 – Biólogo, Orientador e Docente do Programa de Pós-Graduação em Tecnologias Aplicadas para o Ensino de Biologia – Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Goiás (UAB/UFG), Goiânia, Brasil.

✉ Contato: rdssantos@gmail.com (Santos, R.S)

---

Recebido em: 06/10/2012 – Aprovado em 15/11/2012 – Publicado em 30/11/2012

---

### RESUMO

O DNA mitocondrial é transmitido às gerações seguintes pela chamada herança citoplasmática, exclusiva das mulheres formando, assim, uma matrilinearidade. Ele favorece a investigação da evolução da espécie, pois sua integridade genética é totalmente mantida, a não ser pelas mutações. O DNA mitocondrial humano é circular e minúsculo (apenas 16.569 pares de bases). Sua taxa de mutação é várias vezes mais rápida em relação ao DNA nuclear, fazendo com que um grande número de regiões polimórficas seja gerado em alguns milhares de anos. Dessa forma, se assumirmos que a taxa de mutação é relativamente constante, podemos utilizar o número de polimorfismos do DNA mitocondrial como um relógio biológico. Através do estudo do polimorfismo do DNA mitocondrial pode-se estabelecer o grau de parentesco nas populações atuais e, por consequência, a antiguidade relativa de cada ramo populacional. O melhor exemplo de reconstrução da evolução a partir do DNA mitocondrial foi feito em 1987 na Universidade da Califórnia. Com base no estudo de RFLPs, ou seja, polimorfismos de tamanho de fragmentos de restrição, no DNA mitocondrial de 147 indivíduos de várias origens geográficas, foi elaborada uma árvore filogenética que apontou apenas um ancestral comum: o DNA mitocondrial de uma mulher africana que viveu há cerca de 200 mil anos chamada de Eva Mitocondrial pela imprensa. A descoberta de uma convergência na árvore evolutiva a um único ancestral materno na África Subsaariana, as técnicas envolvidas e as discussões subsequentes a esta incrível descoberta são o foco desta revisão da literatura.

**PALAVRAS – CHAVE:** DNA mitocondrial, Espécie humana, Árvore filogenética, polimorfismos e Eva mitocondrial.

## USE OF MITOCHONDRIAL DNA TO ELUCIDATION THE PROCESSES OF EVOLUTION AND HUMAN GENETIC VARIABILITY

### ABSTRACT

Mitochondrial DNA is passed to succeeding generations by inheritance called cytoplasmic exclusive women forming thus a matrilineage. He favors the investigation of the evolution of species because their genetic integrity is fully maintained, except for the mutations. The human mtDNA is circular and tiny (only 16,569 base pairs). Her mutation rate is several times faster compared to the nuclear DNA causing a large number of polymorphic regions is generated at a few thousand years. Thus, if we assume that the mutation rate is relatively constant, we can use the number of polymorphisms in mitochondrial DNA as a biological clock. Through the study of polymorphism in mitochondrial DNA can establish the degree of relationship in the current populations and, consequently, the relative seniority of each branch population. The best example of reconstruction of the evolution from the mitochondrial DNA was made in 1987 at the University of California. Based on the study of RFLPs, polymorphisms size of restriction fragments in the mitochondrial DNA of 147 individuals of various geographical origins, we created a phylogenetic tree showed that only a common ancestor: the mitochondrial DNA of an African woman who lived there are about 200.000 years called Mitochondrial Eve by the press. The discovery of a convergence in the evolutionary tree to a single maternal ancestor in sub-Saharan Africa, the techniques involved and the subsequent discussions of this amazing discovery are the focus of this literature review.

**KEYWORDS:** mitochondrial DNA, human species, phylogenetic tree, polymorphisms and mitochondrial Eve.

### INTRODUÇÃO

*Nosso DNA não desbota como um pergaminho antigo; não enferruja no solo, como a espada de um guerreiro morto há muito tempo. Não é erodido pelo vento ou pela chuva nem reduzido a ruínas por fogo e terremotos. É o viajante de uma terra antiga que mora dentro de todos nós (SYKES, 2003, p. 13).*

O segmento exclusivo não recombinante do cromossomo Y e o DNA mitocondrial possuem particularidades genéticas que os tornam atraentes para o estudo da história humana. Primeiro, eles são herdados de apenas um dos pais: o cromossomo Y é transmitido pelo espermatozóide apenas para descendentes do sexo masculino e o DNAm<sub>t</sub> é transmitido por meio do óvulo para filhos e filhas. Em segundo lugar, não trocam genes com segmentos genômicos semelhantes, isto é, não sofrem recombinação sendo transmitidos em bloco às gerações seguintes. Essas características permitem estudos sobre as histórias matrilineares e patrilineares, respectivamente, das populações humanas, fornecendo informações complementares (RINCON, 2009, pg. 11-12).

Estudos pioneiros com o DNAm<sub>t</sub> introduziram a hipótese do “Jardim do Éden” ou da monogênese africana (CANN *et al.*, 1987; VIGILANT *et al.*, 1991 apud MACHADO,

2010, pg. 31) segundo a qual, o *Homo sapiens* moderno, do qual descenderiam todas as populações humanas atuais, originou-se em um evento relativamente recente (~160 mil anos antes do presente) a partir de uma população pequena e isolada do *H. sapiens* arcaico africano, podendo, inclusive, ser identificada uma mãe comum a toda a humanidade e que foi oportunamente chamada de “Eva Africana”. Segundo STONEKING (1994), a Eva Africana não foi a primeira mulher, mas sim a mulher que carregava a linhagem mitocondrial ancestral de todas as demais.

Nos últimos anos, surgiram várias iniciativas em escala global de unificar os esforços dos estudos sobre a variabilidade genética humana. Estas iniciativas se tornaram possíveis com a modernização das técnicas de análise de DNA e com o acúmulo de informações dos estudos genético-populacionais.

Levando-se em conta todo esse panorama de investigação e estudos, o presente trabalho tem como objetivo fazer uma revisão da literatura a respeito dos avanços em Genética Evolutiva, especialmente em relação à elucidação das origens do homem moderno, dos padrões de dispersão das populações humanas, dos padrões de diversidade genética salientando também a constituição genética da população brasileira.

## REVISÃO DA LITERATURA

### A Genética Evolutiva

A Genética Evolutiva é o vasto campo de estudos que resultaram da integração da genética e da evolução Darwiniana, chamado de Síntese Moderna (HUXLEY, 1942), obtidos através dos trabalhos teóricos de R. A. Fisher, S. Wright e J. B. S. Haldane e trabalhos conceituais e influentes escritos por J. Huxley, T. Dobzhansky e H. J. Muller. Este campo busca dar explicação para a evolução em termos de mudanças nas frequências gênicas e genotípicas nas populações. Nesta perspectiva, quatro forças evolutivas (mutação, deriva genética aleatória, seleção natural e fluxo gênico) atuando dentro e entre populações provocam alterações micro-evolutivas e esses processos são suficientes para explicar os padrões macro-evolutivos, que surgem em longo prazo pela ação coletiva dessas forças. Assim, o desafio central da Genética Evolutiva é descrever como as forças evolutivas formam os padrões de biodiversidade observados na natureza (RIDLEY, 2006).

Na busca por padrões, surgem os inevitáveis questionamentos sobre a origem e a evolução da espécie humana. É relativamente recente, e só com o advento da genética molecular, que os cientistas têm sido amplamente capazes de responder a duas questões importantes sobre evolução humana: quem são nossos parentes mais próximos e quais foram às circunstâncias que levaram aos humanos modernos? (STONEKING, 2008).

Buscando responder a esses e outros questionamentos, iniciou-se então as análises em níveis moleculares. No genoma humano, o primeiro a ser examinado em detalhes suficientes foi o DNA mitocondrial (DNAm<sub>t</sub>). A escolha da mitocôndria como objeto de estudo se deve a fatores muito particulares desta organela celular como, por exemplo, apresentar um número elevado de cópias e estar localizada no citoplasma, com várias centenas de milhares de genomas mitocondriais por célula, sendo, portanto, relativamente mais fácil para isolar e analisar. Possui um ritmo acelerado de

evolução, resultando em muitas mutações que podem ser analisadas para a sua distribuição dentro e entre populações; é herdado da mãe, sem recombinação, o que significa que as únicas fontes de variação entre os indivíduos são mutações que surgiram desde a última vez que compartilhavam um ancestral comum materno (PAKENDORF & STONEKING, 2005 *apud* MACHADO, 2010) chamado de "Eva mitocondrial".

O primeiro estudo aprofundado da variação de DNAm humano, que foi realizado por Rebecca Cann e Mark Stoneking, quando eles eram estudantes de pós-graduação com Allan Wilson, em 1987, deixou fortemente implícito que a África era a fonte de toda a diversidade existente de DNAm humano e que essa diversidade começou a surgir cerca de 150.000 anos atrás, indicando uma origem africana recente para a Eva mitocondrial (CANN *et al.*, 1987).

Inicialmente este trabalho não teve grande espaço no meio científico, não recebeu grandes considerações, no entanto, mesmo passados 20 anos desde a sua publicação ainda hoje é referenciado para aberturas de algumas discussões, tais como: a melhor forma de se amostrar as populações humanas para o estudo da diversidade genética, a precisão dos métodos filogenéticos para inferir a origem geográfica de um ancestral de DNA e se há um relógio molecular e um ritmo constante de evolução para DNAm humano e, em caso afirmativo, como ele bate.

Esses mesmos 20 anos também foram marcados por extraordinários avanços em genética molecular, de tal forma que agora é rotina sequenciar o genoma completo de amostras de DNA mitocondrial da população humana, bem como surgiram enormes melhorias nos métodos utilizados para fazer inferências sobre a história da população a partir da sequência de dados do DNA (STONEKING, 2008).

A reconstrução da história biológica da humanidade a partir da análise dos genes das populações atuais esta embasada no fato de que pessoas diferentes têm versões diferentes do mesmo gene. Selecionando vários genes de pessoas oriundas de diferentes regiões geográficas pode-se calcular o tempo transcorrido desde a sua diferenciação e, a partir desse resultado, reconstruir a genealogia da humanidade (RICO, 2010).

## **O DNA Mitocondrial e a Herança Materna**

O DNA mitocondrial é transmitido às gerações seguintes pela chamada herança citoplasmática, exclusiva das mulheres formando, assim, uma matrilinearidade. Ele favorece a investigação da evolução da espécie, pois sua integridade genética é totalmente mantida, a não ser pelas mutações (LEONARDO, 2010).

Apesar de ser pouco diverso, o DNA mitocondrial é abundante, pois existem centenas de mitocôndrias dentro das células. Entretanto, o DNA nuclear, em contrapartida, apesar de possuir vários cromossomos diferentes, resume-se apenas à região do núcleo, com isso os seres vivos possuem um número maior de cópias de DNA mitocondrial nas células, facilitando assim encontrá-lo em bom estado num material fossilizado, por exemplo, e a partir daí realizar-se o seu estudo (CAVALLI-SFORZA & CAVALLI-SFORZA, 2002)

O DNA mitocondrial humano é circular e minúsculo (apenas 16.569 pares de bases). Sua taxa de mutação é várias vezes mais rápida em relação ao DNA nuclear, fazendo com que um grande número de regiões polimórficas seja gerado em alguns

milhares de anos. Dessa forma, se assumirmos que a taxa de mutação é relativamente constante, podemos utilizar o número de polimorfismos do DNA mitocondrial como um relógio biológico (CAVALLI-SFORZA & CAVALLI-SFORZA, 2002).

O DNA mitocondrial possui particularidades genéticas que o torna atraente para o estudo da história humana. Em primeiro lugar, DNAm<sub>t</sub> é transmitido apenas por meio do óvulo para filhos e filhas. Em segundo lugar, não troca genes com segmentos genômicos semelhantes, isto é, não sofrem recombinação sendo transmitidos em bloco às gerações seguintes. Essas características permitem estudos sobre as histórias matrilineares das populações humanas, fornecendo informações complementares (RINCON, 2009).

Através do estudo do polimorfismo do DNA mitocondrial pode-se estabelecer o grau de parentesco nas populações atuais e, por consequência, a antiguidade relativa de cada ramo populacional.

O melhor exemplo de reconstrução da evolução a partir do DNA mitocondrial foi feito em 1987 na Universidade da Califórnia. Como pioneiros estudando o DNAm<sub>t</sub>, eles introduziram a hipótese do “Jardim do Éden” ou da monogênese africana (CANN *et al.*, 1987; VIGILANT *et al.*, 1991 *apud* MACHADO, 2010, pg. 31).

Segundo essa hipótese, o *Homo sapiens* moderno, do qual descenderiam todas as populações humanas atuais, originou-se em um evento relativamente recente (150 mil anos antes do presente) a partir de uma população pequena e isolada do *H. sapiens* arcaico africano, podendo, inclusive, ser identificada uma mãe comum a toda a humanidade e que foi oportunamente chamada de “Eva Africana” ou “Eva Mitocondrial”.

Essa verificação se deu com base no estudo de RFLPs, ou seja, polimorfismos de tamanho de fragmentos de restrição, no DNA mitocondrial de 147 indivíduos de várias origens geográficas, através dos quais foi elaborada uma árvore filogenética que apontou apenas um ancestral comum: o DNA mitocondrial dessa mulher africana que viveu há cerca de 150 mil anos (LEONARDO, 2010).

Segundo STONEKING (1994), a Eva Africana não foi à primeira mulher, mas sim a mulher que carregava a linhagem mitocondrial ancestral de todas as demais.

### **A dispersão populacional na Teoria de Eva**

Na Natureza, a distribuição da população ocorre como consequência dos deslocamentos de determinados indivíduos de uns locais para outros. Esta mobilidade constitui a dispersão, sendo as suas possibilidades numerosas.

A dispersão de uma determinada população depende, entre outras coisas, do tipo de habitat, migrações, o parasitismo, da importância das aglomerações e das distâncias entre elas, do distanciamento entre progenitores e descendentes. A existência desse processo propicia que a espécie continue a aumentar a sua abundância sem apresentar dependência dos recursos disponíveis em seu nicho e acaba por determinar a zona de ocorrência das populações no mundo.

Segundo a Teoria da Eva Mitocondrial a humanidade conhecida teria vindo de uma só mulher, que viveu há cerca de 150 mil anos, na África (WILSON, 1992). Na época dessa Eva, é plausível a suposição de que os habitantes da África oriental, em um número aproximado de alguns poucos milhares de indivíduos, partilhassem a mesma cultura, vivessem a mesma economia, usassem os mesmos artefatos tecnológicos e tivessem os mesmos hábitos alimentares e, presumivelmente, se essas

coisas já existiam em data tão recuada, praticavam o mesmo tipo de religião e usavam a mesma linguagem.

Entretanto, de início lenta e intermitentemente, algumas pessoas tidas como de espírito aventureiro começaram a tirar suas comunidades da área da Eva mitocondrial e levá-las para novos ambientes, a que tiveram de se adaptar, o que gerou mudanças. Essas comunidades perderam contato entre si e, em relativo isolamento, passaram a apresentar diferenças cada vez maiores (ARMESTO, 2009).

Seguindo essa corrente teórica, ocorreram dois grandes eventos de dispersão da população (GHILARDI, 2011), onde a primeira dispersão, ocorreu quando o *Homo erectus* sai da África há dois Milhões de anos (ocupa a Europa e Ásia) e a segunda dispersão, onde o *Homo sapiens* sai da África há aproximadamente a 70.000 mil anos da sua região Ocidental e a 200.000 mil anos da parte Oriental. Ainda pode-se constatar também uma paulatina ocupação dos outros continentes pela espécie dos *Homo sapiens* que gradativamente iam conquistando mais territórios ao redor do mundo.

A dispersão humana, que se deu a partir da África, teve como destino inicial as terras circunvizinhas do continente asiático, mais precisamente na região do Oriente Médio. SATURNO (2002) observa que quanto a esse fato devem ter existido motivações de ordem prática:

*Nessa época, deveriam existir perto de dez mil seres humanos espalhados pela África. A fome deve ter encorajado um grupo de 250 homo sapiens a atravessar o mar Vermelho. Nesse pequeno grupo estava a nova Eva, a mãe de todos os humanos fora da África. Os cientistas estimam que depois de mil anos, as cinco ou seis linhagens genéticas de mitocôndrias foram reduzidas a apenas uma, dessa nova Eva (SATURNO, 2002).*

Diversos estudos científicos descrevem como ocorreu essa ocupação pelos territórios, inclusive demonstrando questionamentos referentes à presença humana nas terras consideradas como Novo Mundo (América) e do Novíssimo Mundo (Oceania), que muitos creem erroneamente que só após a colonização pelos europeus é que houve ocupação de pessoas nessas localidades. Estima-se que esses territórios, do Novo e do Novíssimo Mundo, já eram ocupados por civilizações há cerca de 15 e 50 mil anos, respectivamente.

A partir de então com a ocupação de quase todos os continentes, com exceção da Antártica, nesse momento após cerca de cinco milhões de anos, só havia uma espécie humana no planeta, o *Homo sapiens* (SATURNO, 2002).

O isolamento territorial dessas populações propiciou a sua diferenciação ao longo dos tempos. E é no seio de populações assim isoladas, que se verifica a seleção natural entre os indivíduos melhor adaptados e os piores adaptados de cada espécie, formando pouco a pouco a variação genética e contribuindo para a existência dos biotipos encontrados atualmente em cada região. Sendo que o elo entre eles só foi estabelecido recentemente com as teorias de dispersão e dos estudos das dinâmicas populacionais através dos quais se chegou a Eva Mitocondrial.

### **A repercussão da Genética Evolutiva na sociedade moderna**

A repercussão midiática e as polêmicas em torno destes temas, DNA mitocondrial, Dispersão de Espécies, Eva Mitocondrial, Variação genética e Evolução, **ENCICLOPÉDIA BIOSFERA**, Centro Científico Conhecer, Goiânia, v.8, n.15; p. **1725** 2012

despertam nos estudantes e pesquisadores a curiosidade sobre o que significam e qual a real importância dessas novas abordagens sobre a origem da humanidade.

Estes conceitos já foram abordados de diversas formas, tanto pela TV quanto pelo cinema; ora com programações educativas como documentários, que descrevem a trajetória evolutiva e dispersora dos seres humanos pela Terra, ora mesclando conceitos biológicos com o roteiro de filmes e novelas.

A título de exemplo, pode-se destacar a produção Franco-Canadense lançada em 1981, *La Guerre du feu* (A Guerra do Fogo), sob a direção de Jean-Jacques Annaud, Anthony Burgess e Desmond Morris. O longa retrata a evolução sócio-cultural-biológica da Humanidade e levanta hipóteses sobre a origem da linguagem através da busca de três *Homo sapiens* para conseguirem uma nova fonte de fogo perdida por sua tribo; este, o fogo, elemento divino e tenebroso para eles.

O delírio sobre como esses três guerreiros se relacionariam/comunicariam, encontrariam, disputariam e fariam interações subjetivas é a base do roteiro assinado por Anthony Burgess, foneticista e consagrado autor do livro *Laranja Mecânica*. Burgess faz crível as adaptações e linguagens usadas por aqueles hominídeos além de fazer compreensível toda uma história recheada de grunhidos, mamutes mal-acabados e situações inusitadas de adaptação dos nossos ancestrais ao contexto ambiental da época (SANTOS, 2008).

Outro exemplo é uma produção televisiva brasileira, a novela “O Clone”, exibida em 2001 pela emissora Rede Globo e escrita pela novelista Glória Perez. A trama, que tem como mote central a técnica de clonagem, onde também se referenciou de forma peculiar discorrendo acerca do DNA mitocondrial e a sua prerrogativa de ser exclusivamente materno, portanto, de origem ovular. Um dos personagens principais (Diogo) morre logo nos primeiros capítulos e acaba por servir de teste para a experiência de clonagem feita por um especialista em reprodução humana (Albiere). O Doutor Albiere utiliza-se para tanto de uma célula somática de Diogo e faz o implante do material nuclear desta célula no óvulo de uma de suas pacientes (Deusa), que estava em tratamento para fertilização *in vitro*, entretanto, sem o consentimento da mesma. A experiência teve sucesso e com o passar do tempo houve a descoberta da existência do clone (Léo), então, o pai biológico de Diogo (Lêonidas) inicia uma batalha judicial pelo direito ao reconhecimento de Léo como filho dele e de sua falecida esposa, uma vez que o material genético constante no clone provinha deles. Entretanto, no desfecho da história, o juiz atribui sentença favorável tanto para Lêonidas, que ficou registrado como sendo o pai biológico de Leo, quanto para Deusa que ficou sendo considerada a mãe biológica, justamente pelo fato de ser dela o DNA mitocondrial presente nas células do clone.

Assim, a disseminação e massificação de temas envolvendo conteúdos de importância biológica torna o trabalho do educador/pesquisador em Ciências e Biologia um constante buscar, relacionar, associar estes debates/polêmicas da atualidade com o conteúdo ministrado em sala de aula, promovendo o link entre a educação, a ciência e o cotidiano dos aprendizes.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

Questões amplas como a origem do homem moderno e os grandes trajetos da sua dispersão pelo globo, bem como as grandes migrações intercontinentais que ocorreram ao longo de milhares de anos e que moldaram a atual diversidade de povos

foram tratadas em diversos estudos por meio de análises de polimorfismos de DNA (FORSTER, 2004; FORSTER & MATSUMURA, 2005; MELLARS, 2006; ATKINSON *et al.*, 2008 apud RINCON, 2009).

No Brasil, os estudos com marcadores clássicos, realizados com populações do nordeste e do sudeste do país, já demonstravam certo grau de miscigenação da população brasileira, cujo padrão variava de acordo com a região analisada (revisão em SALZANO, 1997; CALLEGARI-JACQUES & SALZANO, 1999; SALZANO, 2002 apud RINCON, 2009). Ainda segundo RINCON (2009), desde a década de 80, os polimorfismos de DNA (presentes nos autossomos, no cromossomo Y e no DNAm) foram utilizados no Brasil em estudos relacionados à origem e formação da população brasileira e relacionados também à origem do homem no Novo Mundo ( CARVALHO *et al.*, 2008; BARBOSA *et al.*, 2008).

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARMESTO, F.F. **Os Desbravadores. Uma História Mundial da Exploração da Terra.** São Paulo: Companhia das Letras, 2009.

ATKINSON, Q. D; GRAY, R.D; DRUMMOND, A. J. mtDNA variation predicts population size in humans and reveals a major Southern Asian chapter in human prehistory. **Molecular Biology Evolution**, v. 25, n. 2, p. 468-74, 2008.

BARBOSA, A. B. G; SILVA, L.A; AZEVEDO, D.A; BALBINO, V.Q; MAURÍCIO-DA-SILVA, L. Mitochondrial DNA control region polymorphism in the population of Alagoas State, North-Eastern Brazil. **Journal of Forensic Science**, v. 53, n. 1, p. 142-146, 2008.

CALLEGARI-JACQUES, S. M.; SALZANO, F. M. Brazilian Indian/non-Indian interactions and their effects. **Ciência e Cultura: Journal of the Brazilian Association for the Advancement of Science**, v. 51, p. 166-174, 1999.

CANN, R. L; STONEKING, M; WILSON, A. C. Mitochondrial DNA and human evolution. **Nature**, v. 325, p. 31–36, 1987.

CARVALHO, B. M; BORTOLINI, M.C; SANTOS, S.E.B; RIBEIRO-DOS-SANTOS, A.K.C. Mitochondrial DNA mapping of social-interactions in Brazilian Amazonian African-descendent populations. **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, n. 1, p. 12-22, 2008.

CAVALLI-SFORZA, LUCA & CAVALLI-SFORZA, FRANCESCO. **Quem Somos Nós? História da Diversidade Humana.** São Paulo: Unesp, 2002.

FORSTER, P. Ice Ages and the mitochondrial DNA chronology of the human dispersals: a review. **Biology Science**, v. 359, n. 1442, p. 255-64, 2004.



FORSTER, P.; MATSUMURA, S. Evolution. Did early humans go north or south? **Science**, v. 308, n. 5724, p. 965-6, 2005.

GHILARDI, R.P. **E desde quando os homens evoluem?** (uma visão paleontológica). Departamento de Ciências Biológicas. **UNESP/Bauru – SP**.

HUXLEY, J. **Evolution the modern synthesis**. Ed. Harper & Brothers. New York, 1942.

LEONARDO, H. **Gênese Africana dos Humanos**. 2010. Disponível em: <<http://profhugoleonardo.blogspot.com/2010/02/genese-africana-dos-humanos.html>>. Acesso em 14 mar. 2012.

MACHADO, R.B. **Vestígios do passado: A história ameríndia revelada através de marcadores genéticos**. 2010. 155 f. Dissertação (Mestrado em Biologia) – Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2010.

MELLARS, P. Why did modern human populations disperse from Africa 60.000 years ago? A new model. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 103, n. 25, p. 9381-6, 2006.

PAKENDORF, B.; STONEKING, M. Mitochondrial DNA and human evolution. **Annual Review of Genomics and Human Genetics**. Vol. 6, p.165-183, 2005.

RICO, O. **Adão Cromossomo-Y e Eva Mitochondrial**. Quadrante Ciências. 2010.

RIDLEY, M. **Evolução**. 3ª Ed. Porto Alegre: Artmed, 2006.

RINCON, D. **Estudos de DNA Mitochondrial em Populações Remanescentes de Quilombos do Vale do Ribeira – São Paulo**. 2009. 65 f. Dissertação (Mestrado em Biologia) - Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2009.

SALZANO, F. M. The Brazilian Xavante Indians revisited: new protein genetic studies. **American Journal of Physical Anthropology**, v. 104, n. 1, p. 23-24, 1997.

\_\_\_\_\_. Molecular variability in Amerindians: widespread but uneven information. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 74, n. 2, p. 223-63, 2002.

SANTOS, P. **Guerra do Fogo: a pré-história no cinema**. A Guerra do fogo, 2008

SATURNO, M.E. **A Eva mitochondrial**. O Vale Paraibano, 2002.

STONEKING, M. Mitochondrial DNA and human evolution. **Journal of Bioenergetic and Biomembranes**, v. 26, p. 251-259, 1994.

STONEKING, M. Human origins: The molecular perspective. **Nature**, v. 9, p. S46 - S50, 2008.

SYKES, B. **As sete filhas de Eva**: a ciência que revela nossa herança genética. Rio de Janeiro: Record, 351p, 2003.

VIGILANT L, STONEKING M, HARPENDING H, HAWKES K, WILSON AC. African populations and the evolution of human mitochondrial DNA. **Science**, v. 253, p. 1503-1507, 1991.

WILSON, A.C.; CANN, R.L. The Recent African Genesis of Humans. **Scientific American**, v. 266, April. 1992.