



Programa de Ajudas para Assistência às Jornadas anuais de Genética Forense

"Herança genética paterna dos autodeclarados indígenas equatorianos"

Masinda Nguidi (LDD, UERJ/Brasil)



https://chsktr.com/2886/news/columbus-day-yay-or-nay/

Como muitos países latinos, a população do Equador é resultante de três principais componentes continentais na sua formação





As populações Nativo Americanas ou povos indígenas

https://chsktr.com/2886/news/columbus-day-yay-or-nay/

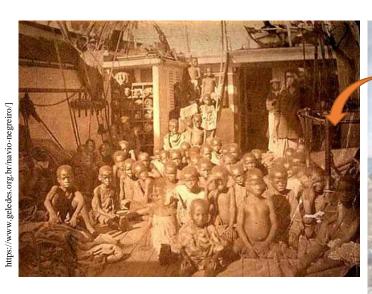
Como muitos países latinos, a população do Equador é resultante de três principais componentes continentais na sua formação

Os colonizadores europeus, que chegaram nas Américas com o início das navegações a partir do século XV



https://chsktr.com/2886/news/columbus-day-yay-or-nay/

Como muitos países latinos, a população do Equador é resultante de três principais componentes continentais na sua formação



Populações de africanos escravizados, trazidos pelos europeus para as Américas como mão de obra forçada e gratuita



https://chsktr.com/2886/news/columbus-day-yay-or-nay/

Como muitos países latinos, a população do Equador é resultante de três principais componentes continentais na sua formação

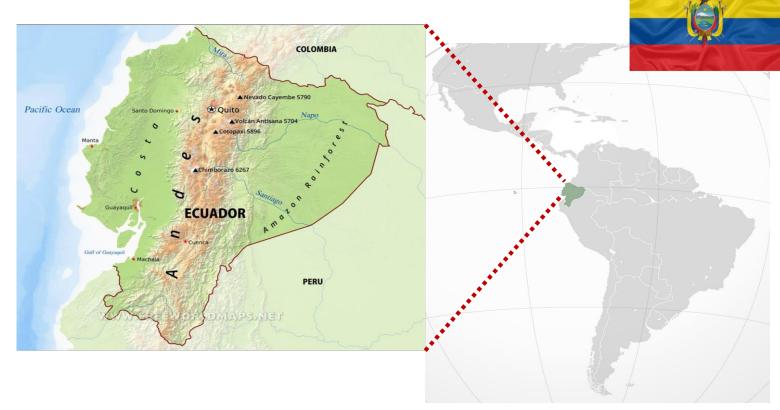


A interação entre as populações dos diferentes continentes resultou numa população tri-híbrida e altamente diversa;

Em termos geográficos...

O país possui três eco regiões continentais: Amazônia Andes Costa do Pacífico

Miscigenação diferencial da população dadas as características do território.



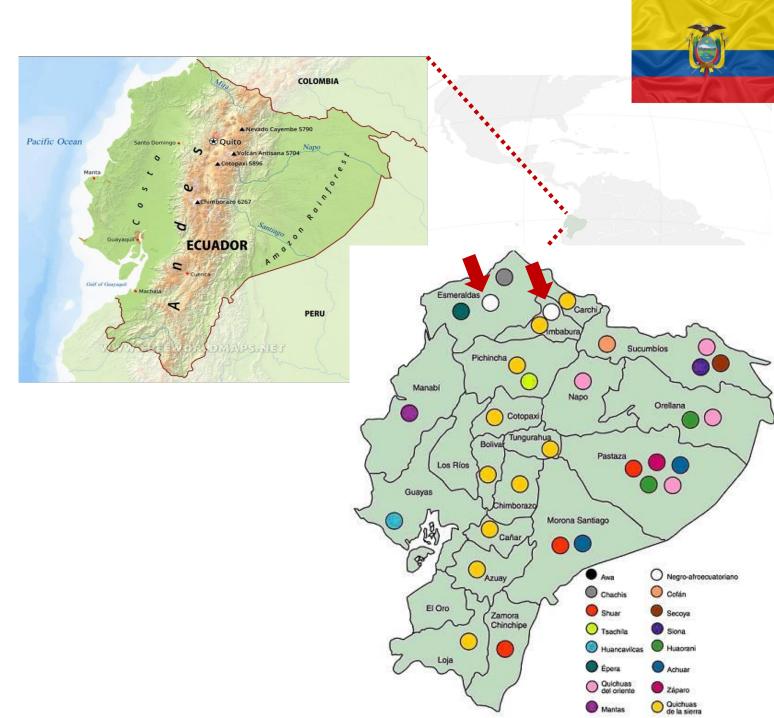
População tri-híbrida;

País altamente diverso;

O país possui três eco regiões continentais: Amazônia Andes

Costa do Pacífico

Miscigenação diferencial da população dadas as características do território.



População tri-híbrida;

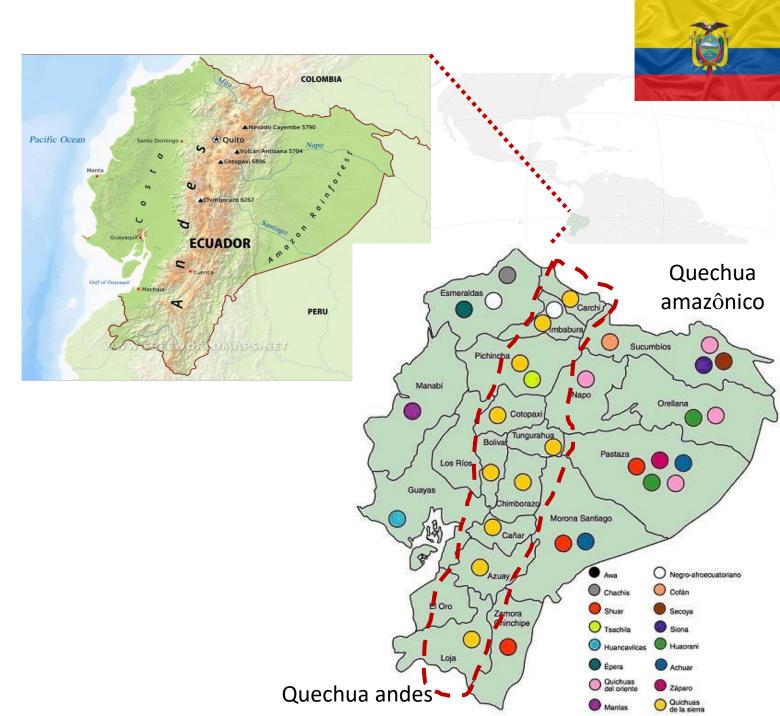
País altamente diverso;

O país possui três eco regiões continentais: Amazônia

Andes

Costa do Pacífico

Miscigenação diferencial da população dadas as características do território.



População tri-híbrida;

País altamente diverso;

O país possui três eco regiões: Amazônia Andes Costa do Pacífico

Miscigenação diferencial da população dadas as características do território.

AUTODECLARAÇÃO "ÉTNICA"



AUTODECLARAÇÃO "ÉTNICA" 16 milhões de pessoas aprox.

Mestizos (71.9%) Montubios (7.4%)

Indígenas ou Indígenas Equatorianos (7%)

Afro-Equatorianos (7.2%)
Blancos (6.1%)
Outros (0.4%)

+

14 grupos etnolinguísticos originais Nativo-Americanos, dentre eles os falantes de Kichua e os povos Awa, Chachi e Tsáchila, por exemplo.





"Herança genética paterna dos autodeclarados indígenas equatorianos"

AUTODECLARAÇÃO "ÉTNICA" 16 milhões de pessoas aprox.

Mestizos (71.9%) Montubios (7.4%)

Indígenas ou Indígenas Equatorianos (7%)

Afro-Equatorianos (7.2%)
Blancos (6.1%)
Outros (0.4%)

+

14 grupos etnolinguísticos originais Nativo-Americanos, dentre eles os falantes de Kichua e os povos Awa, Chachi e Tsáchila, por exemplo.



Alguns grupos mantêm as tradições dos seus povos originais como vestimentas e identidade, ainda que não sejam falantes do idioma de seu grupo etnolinguístico.

Neste estudo, os chamados indígenas equatorianos são indivíduos autodeclarados com provável ascendência étnica nativo americana. Para fins de nomenclatura, esta denominação foi utilizada mesmo sabendo-se que "indígena" possui definições específicas que podem não ser adequadas neste cenário específico.



"Herança genética paterna dos autodeclarados indígenas equatorianos"

AUTODECLARAÇÃO "ÉTNICA"16 milhões de pessoas aprox.

Mestizos (71.9%) Montubios (7.4%)

Indígenas ou Indígenas Equatorianos (7%)

Afro-Equatorianos (7.2%)
Blancos (6.1%)
Outros (0.4%)



+

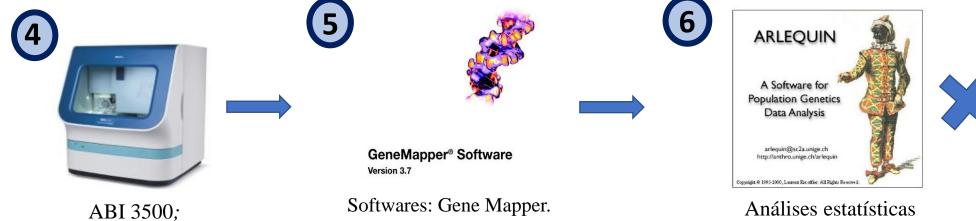
14 grupos etnolinguísticos originais Nativo-Americanos, dentre eles os falantes de Kichua e os povos Awa, Chachi e Tsáchila, por exemplo.

OBJETIVOS:

- Caracterizar a composição genética paterna da população indígena equatoriana, usando STRs do cromossomo Y (Y-STR) e SNPs (Y-SNP).
- Inferir padrões de cruzamento, também foram reunidos dados de AIMs autossômicos e as ascendências paternas e biparentais foram comparadas.
- O banco de dados de haplótipos Y-STR estabelecido foi utilizado em comparações com outras populações sul-americanas, bem como com populações africanas e europeias, e estará disponível para fins forenses.

Materiais e Métodos





Esses resultados foram constrastados com dados previamente obtidos dessa populacao com 46 AIMs autossomicos.

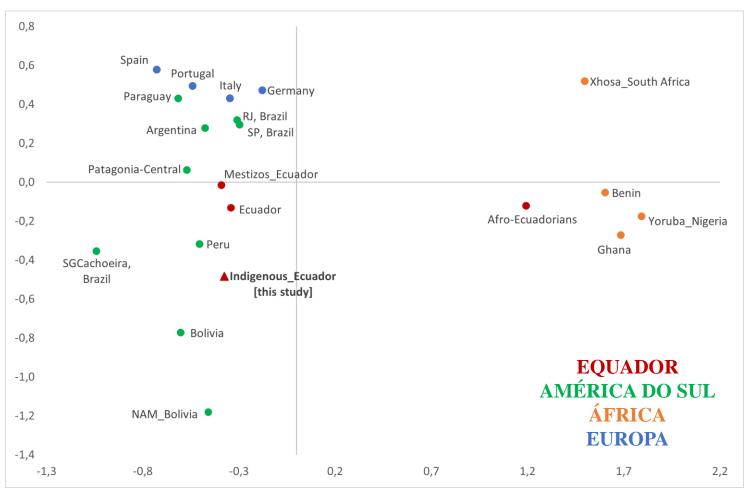
A amostra das populações de autodeclarados indígenas equatorianos apresentou alta diversidade haplotípica (0,9951 ± 0,0051).





A amostra das populações de autodeclarados indígenas equatorianos apresentou alta diversidade haplotípica (0,9951 ± 0,0051).

As distâncias genéticas de *Fst* par a par entre indígenas equatorianos e dados relatados anteriormente sobre mestiços e afroequatorianos mostraram **diferenças significativas** em todas as comparações, demonstrando a presença de **subestrutura no pool gênico paterno** do Equador.

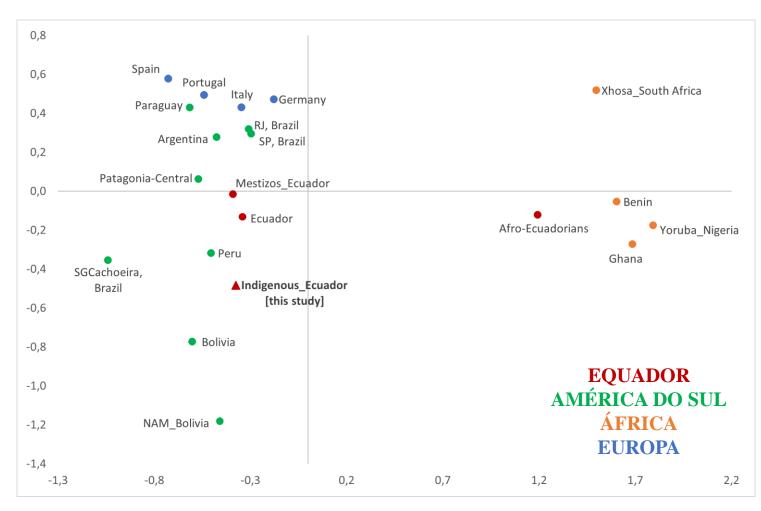


Referências: Pereira, (2020). Ambrosio, I. *et al.* (2020). Simão, F. *et al.* (2021). Ribeiro, J. *et al.* (2018). Purps, J. *et al.* (2014). Parolin, M. L. et al. (2019). Toscanini, U. *et al.* (2018): Kofi, A.B. *et al.* (2020).



No gráfico MDS é possível observar que a amostra da população dos auto-declarados **indígenas equatorianos** e **Mestizos** eram um pouco mais próximas, sendo que esses últimos apresentaram afinidades genéticas com populações da América do Sul com **background Europeu significativo**.

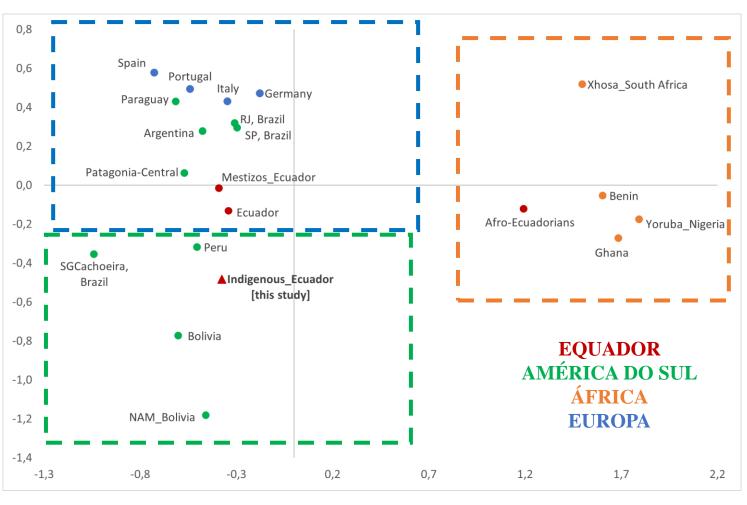
Apesar de saber que a autodeclaração é determinante para a identidade das populações indígenas equatorianas, é possível observar que a população estudada é mais **miscigenada** do que o esperado.



Referências: Pereira, (2020). Ambrosio, I. *et al.* (2020). Simão, F. *et al.* (2021). Ribeiro, J. *et al.* (2018). Purps, J. *et al.* (2014). Parolin, M. L. et al. (2019). Toscanini, U. *et al.* (2018): Kofi, A.B. *et al.* (2020).

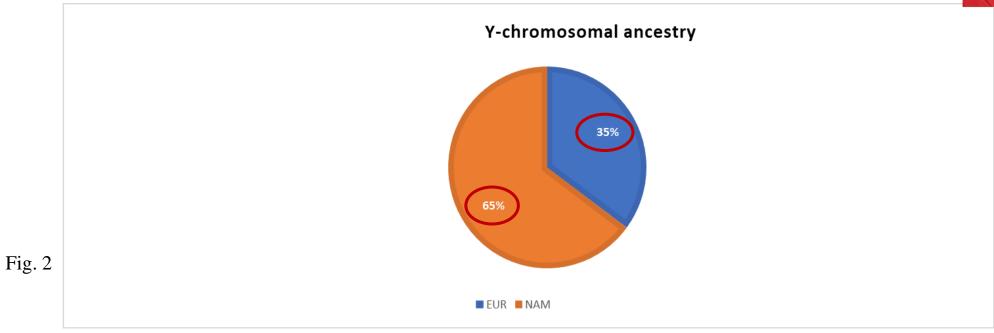


Ainda assim, as populações Equatorianas desse estudo e as usadas para comparações se organizaram de acordo com seu maior contribuinte continental (Nativo-Americana, Africana e Europeia), corroborando com os dados de etnia autodeclarada.



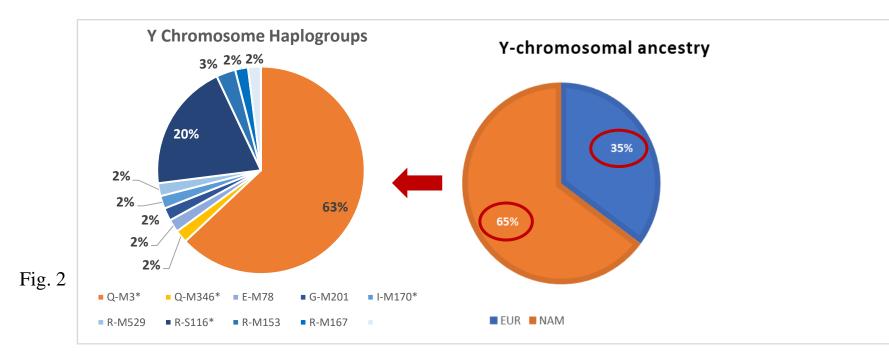
Referências: Pereira, (2020). Ambrosio, I. *et al.* (2020). Simão, F. *et al.* (2021). Ribeiro, J. *et al.* (2018). Purps, J. *et al.* (2014). Parolin, M. L. et al. (2019). Toscanini, U. *et al.* (2018): Kofi, A.B. *et al.* (2020).





Os dados Y-SNP indicam a presença linhagens paternas nativo americanas e europeias (Figura 2).





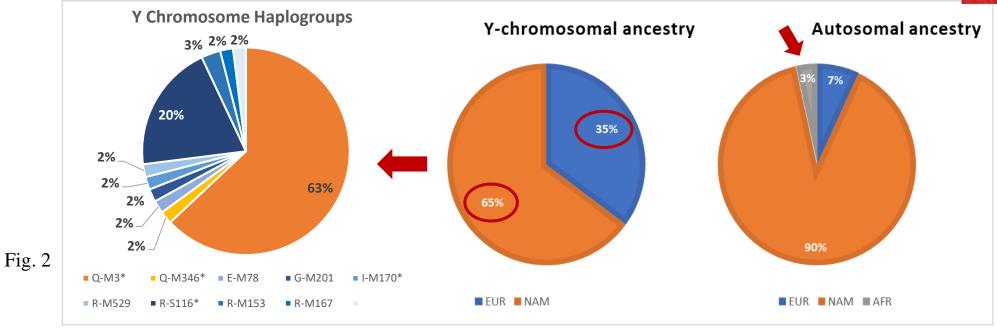
Os dados Y-SNP indicam a presença de dois haplogrupos nativo americanos e oito haplogrupos europeus (Figura 2).

Diversidade de haplotípicas dentro dos haplogrupos Nativo-americanos (**0.9929** ± **0.0099**) e Europeus (**0.9842** ± **0.0237**).









Os dados AIMs indicam a presença expressiva de linhagens paternas europeias na amostra (Figure 2).

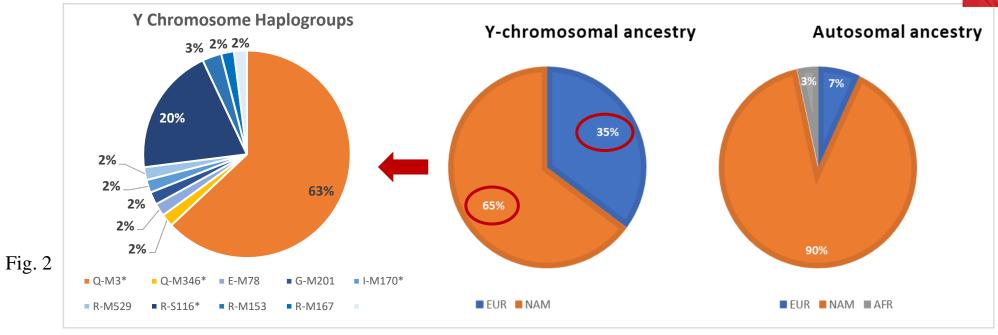
Por outro lado, os resultados dos AIMs mostram uma prevalência de ascendência nativa americana (90%). As amostras também apresentaram 7% e 3% de componentes europeus e africanos, respectivamente.





Indica a presença de mtDNA africano nessa população, tendo em vista que nao foi observada contribuição africana no Y.





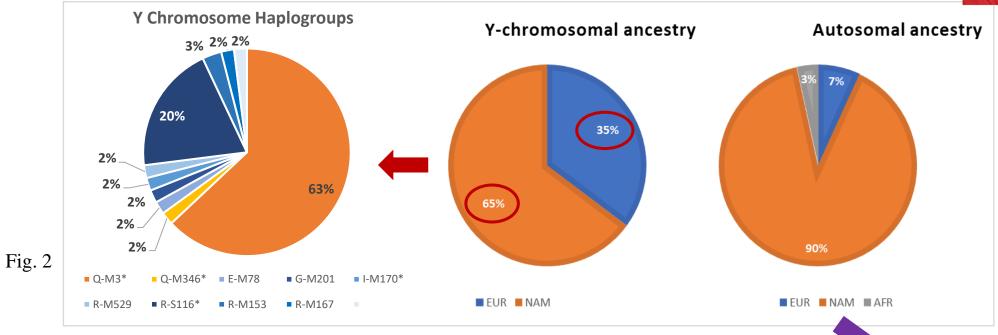
Os resultados do AIMs apresentaram um percentual massivo de contribuição nativo-americana na população dos autodeclarados indígenas equatorianos.

O contraste entre os resultados encontrados no cromossomo Y e nos AIMs indicam algum **padrão de cruzamento** na população de estudo.









O contraste entre os resultados encontrados no cromossomo Y e nos AIMs indicam um viés de cruzamento, com maior **permanência ou contribuição** de mulheres nativas nessa população.

Assim, espera-se encontrar uma porcentagem ainda maior de ascendência nativa americana no marcador de linhagem materna (DNA mitocondrial).







Conclusões

- A população indígena equatoriana autodeclarada apresentou alta diversidade haplotípica, semelhante à encontrada em outras populações equatorianas em estudos anteriores.
- Apesar da autodeclaração, os indígenas equatorianos têm uma contribuição significativa das linhagens masculinas europeias.
- Ao contrastar as ascendências paterna e autossômica, estima-se uma maior ascendência materna nativa na população estudada. Esses resultados são corroborados pela história do país, pois a miscigenação entre homem europeu e mulher indígena ocorreu na maioria das populações sul-americanas desde os tempos coloniais.

Referências

- 1. Mora, Enrique Ayala. Resumen de Historia del Ecuador. 3rd Edition. Quito: Corporacíon editora Nacional, 2008. / Ayala, E. (2008). Resumen de Historia del Ecuador (3rd ed.). Corporacion Editora Nacional, Ed.
- 2. Zambrano, A., *et al.* (2019). The three-hybrid genetic composition of an Ecuadorian population using AIMs-InDels compared with autosomes, mitochondrial DNA and Y chromosome data. *Sci Rep* **9**, 9247. https://doi.org/10.1038/s41598-019-45723-w
- 3. González-Andrade, F., et al. (2007). Sex-specific genetic admixture of Mestizos, Amerindian Kichwas, and Afro-Ecuadorans from Ecuador. Human biology, 79(1), 51-77.
- 4. J. Sambrook, E.F. Fritsch and T. Maniatis, Molecular Cloning: a Laboratory Manual, 2nd ed., Cold Spring Harb. Lab. Press, New York, 1989.
- 5. Brion, M. et al. (2005). Hierarchical analysis of 30 Y-chromosome SNPs in European populations. Int. J. Legal Med., 119, 10–1.
- 6. Gomes, V. et al. (2010). Digging deeper into East African human Y chromosome lineages. Hum. Genet., 127, 603–613.
- 7. Resque, R. et al. (2016). Male lineages in Brazil: Intercontinental admixture and stratification of the European background. PLoS One, 11, 1–17.
- 8. Excoffier, L., & Lischer, H. E. (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources*, 10(3), 564-567.
- 9. Pereira, M. B. de P. S. (2020). Characterisation of human male lineages from Ecuador. Master's Degree Dissertation.
- 10. Ambrosio, I. et al. (2020). "Mutational data and population profiling of 23 Y-STRs in three Brazilian populations." Forensic science international. Genetics vol. 48:102348. doi:10.1016/j.fsigen.2020.102348
- 11. Simão, F. et al. (2021). The Ancestry of Eastern Paraguay: A Typical South American Profile with a Unique Pattern of Admixture. Genes (Basel). 2021 Nov; 12(11): 1788.
- 12. Ribeiro, J. et al. (2018). Analysis of 23 Y-STRs in a population sample from eastern Paraguay. Forensic science international. Genetics vol. 37: e20-e22. doi:10.1016/j.fsigen.2018.08.007
- 13. Purps, J. et al. (2014). A global analysis of Ychromosomal haplotype diversity for 23 STR loci. Forensic Science International: Genetics, 12(100), 12–23.
- 14. Parolin, M. L. et al. (2019). Genetic admixture patterns in Argentinian Patagonia. PLoS One, 14(6), e0214830.
- 15. Toscanini, U. et al. "The geographic mosaic of Ecuadorian Y-chromosome ancestry." Forensic science international. Genetics vol. 33 (2018): 59-65. doi:10.1016/j.fsigen.2017.11.011
- 16. Kofi, A.B. et al. (2020). Population data of 23 Y chromosome STR loci for the five major human subpopulations of Ghana. Int J Legal Med. v.134, p.1313–1315.
- 17. Pereira, R. et al. (2012). Straightforward Inference of Ancestry and Admixture Proportions through Ancestry-Informative Insertion Deletion Multiplexing. Kayser M, editor. PLoS ONE. Jan 17;7(1):e29684.
- 18. Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945–959. https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945







