**Reconstrução genética da população catarinense recontada por marcadores de mtDNA e cromossomo Y: estudo da ancestralidade criando banco de dados moleculares para uso forense**

Embora os estudos de antropologia molecular não pareçam diretamente relacionados às práticas criminalísticas, sabe-se que a construção molecular de cenários da ancestralidade de populações híbridas atuais permite identificar com maior precisão a possibilidade estatística de um determinado fenótipo e seu respectivo genótipo serem ou não prováveis em uma cena local de crime. Desta forma, embora seja verdadeira a afirmativa de que bons marcadores moleculares sejam pouco eficientes na identificação individual, é peremptório que ancestralidade e identificação forense se complementem e não sejam mais vistas como áreas paralelas.

Com base neste fundamento, o Laboratório de Polimorfismos Genéticos da UFSC mantém um grande projeto de reconstrução da ancestralidade genética em Santa Catarina de populações atuais e extintas, utilizando diversos marcadores moleculares, de forma que o conjunto destas associações possa ser usado por peritos locais para entender de que forma as movimentações migratórias desenharam a distribuição de alelos no estado.

A população atual de Santa Catarina segue o padrão brasileiro da tríade parental composta predominantemente por europeus, africanos e ameríndios, em diferente proporções populacionais e de gênero, sendo conhecido como um padrão assimétrico de relacionamento entre populações migrantes e locais. O modelo de colonização no estado é o de alimentação contínua de uma das fontes, com novas ondas migratórias de europeus em épocas mais recentes, diminuindo a quantidade de ameríndios e conferindo ao estado uma posição de “mais europeu do Brasil”, uma inverdade comprovada por diversos estudos com marcadores genéticos que pode causar confusão e levar a considerações errôneas em relação ao fenótipo.

Utilizando amostras de sangue coletadas em todo o estado (projeto com autorização no CEPSH UFSC), o DNA foi extraído pelo método de *Salting out* e quantificado. Visando demonstrar a matrilinearidade da população, foram amplificadas e sequenciadas (direta e reversa) as três regiões hipervariáveis (HVS-1, HVS-2 e HVS-3) do DNA mitocondrial para 342 amostras. O programa BioEdit foi utilizado para alinhamento com a sequência de referência rCRS e edições necessárias. Com o auxílio do MEGA *software* e do mtDNA tree Build 16, a existência das mutações. Os haplótipos foram ordenados pelo ajuste na árvore e os haplogrupos foram confirmados com o MitoMaster. Os resultados indicaram que 62% da população catarinense tem origem materna europeia, 26% revelam haplogrupos ameríndios e 10% mostram haplogrupos caracterizados pelas suas elevadas frequências em populações africanas.

A contrapartida masculina foi verificada com marcadores do cromossomo Y (Y-SNPs) previamente descritos como marcadores de ancestralidade europeia (M207 - rs2032658) e ameríndia (M242 - rs8179021). Os mesmos 152 indivíduos foram genotipados para estes marcadores e verificou-se os dados genéticos coincidem com os dados históricos de assimetria de gêneros: 92% dos alelos rastreados para M207 são idênticos àqueles encontrados em populações europeias, enquanto 8% foram considerados não europeus (ressaltando que nesta categoria se inclui toda ancestralidade não europeia como ameríndia, africana, asiática, ou oceânica, ainda que estas duas últimas não sejam historicamente reconhecidas como uma onda migratória).

Por outro lado, ao utilizar o marcador M242, de elevadas frequências em ameríndios, verificou-se que 5% da amostra tem o alelo derivado e 95% o alelo ancestral que indica que são não ameríndios. Juntando as informações pode-se concluir que daqueles 8% identificados como não europeus com o M207, 5% certamente são ameríndios e 3% são não europeus e não ameríndios.

Estes dados, combinados, deixam clara a necessidade da construção da informação molecular para o entendimento da dinâmica populacional de Santa Catarina (usando o estado como exemplo, mas que deve ser estendido a todos) pois desta distribuição populacional dependem as implementações de novas técnicas em Institutos de Análises Forenses, derrubando mitos como o citado anteriormente de que Santa Catarina é um “pedacinho de Europa no Brasil”.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. L.S.J. Medina et al. *Human Y-chrmosome SNP characterization by Multiplex amplified product-lenght polymorphism analysis.* Electrophoresis 1-40. 2014.

2. S.R.R. Torres et al. *Population genetic data and forensic parameters of 30 autosomal InDel markers in Santa Catarina State population, Sourthen Brazil.* Mol Biol 41: 5429-5433. 2014.

3. International Society of Genetic Genealogy. Y-DNA Haplogoup Tree (http://isogg.org/tree).

4. MITOMAP - a human mitochondrial genome database (https://www.mitomap.org/MITOMAP).