



FOTO: CICERO RODRIGUES

Equívocos envolvendo a confusão entre geopolítica e genética ocorrem, ou teimam em persistir, mesmo em agências de segurança prestigiosas

Imaginemos que uma análise do DNA de pessoas do estado do Rio de Janeiro constate que os habitantes de São Gonçalo são geneticamente diferentes dos de Volta Redonda, por exemplo. Parece absurdo? Nem tanto, se considerarmos os resultados de estudo feito na Europa. Essa pesquisa, ligada ao projeto Population Reference Sample (Amostra de População de Referência), conhecido como Popres, revelou que indivíduos de regiões geográficas bem próximas – como as áreas de língua francesa, italiana e alemã situadas na Suíça – podem apresentar estruturas genéticas distintas.

Usando apenas o critério de área, já que a Suíça é um pouco menor do que o estado do Rio de Janeiro, as observações do estudo poderiam ser extrapoladas de um local para o outro. É claro que, para que a estruturação constatada naquele país se evidenciasse nos municípios fluminenses, seria necessário que estes tivessem sido colonizados há mais tempo e que existissem barreiras naturais, como altas montanhas ou rios, para dificultar migrações intermunicipais. De todo modo, o projeto europeu ilustrou muito bem como a aplicação da biotecnologia de alta capacidade (ou seja, com elevado número de análises) viabilizou a dissecação de certas populações com grande detalhe.

Os pesquisadores analisaram cerca de meio milhão de sítios específicos dos genomas de 3.192 europeus e encontraram uma correlação muito próxima entre identidade genética e distância geográfica. Os resultados, publicados em 2008 na revista científica *Nature* (v. 456, p. 98), permitiram a elaboração de um mapa genético da Europa que reforçou significativamente as análises de ancestralidade realizadas em outros estudos, que utilizaram marcadores genéticos mais difusos.

Entretanto, como sucede com qualquer avanço da ciência, cria-se o potencial de uso indevido do conhecimento gerado. Ávida para absorver mais uma ferramenta de controle populacional, a Agência Britânica de Fronteiras tentou abiscoitar a técnica de genotipagem como um aplicativo para seus próprios fins de controle de migração. O objetivo era verificar, por meio de genotipagem, se todos os que pe-

diam asilo político, como no caso da Somália, vinham de fato de regiões socialmente instáveis ou tentavam se aproveitar de um dispositivo de lei. Assim, a agência reduziu um estudo de biologia evolutiva a um simples estratagem de fiscalização.

Simples e simplório, porque os autores da ideia certamente ignoravam conceitos básicos de genética. Um marcador genético presente num indivíduo é herdado de seus ancestrais e não adquirido por ele em determinado país. A detecção de mudanças sutis na estrutura populacional de uma região não está subordinada às fronteiras que, em última análise, são criadas pelos humanos e que, como se sabe, mudam com grande frequência, em especial na África. Aliás, equívocos envolvendo a confusão entre geopolítica e genética ocorrem, ou teimam em persistir, mesmo em agências de segurança prestigiosas como o FBI, dos Estados Unidos.

Para casos de identificação por genotipagem, o FBI utiliza bancos de dados nos quais as frequências de marcadores genéticos são separadas em três grandes grupos: caucasianos, hispânicos e afrodescendentes. Dependendo do indivíduo, uma dessas categorias é usada como referência. Mas como definir caucasiano ou hispânico? Rigorosamente, caucasianos seriam todos os descendentes de populações que habitaram o Cáucaso, o que inclui Europa Oriental e sul e centro da Ásia. Já os hispânicos seriam os descendentes de indivíduos da península Ibérica e da América Latina. No entanto, quantas etnias podemos encontrar nessas categorias? Talvez milhares, em uma estimativa conservadora.

A intenção do FBI, na concepção original do sistema, era provavelmente a de detectar diferenças genéticas entre brancos, latinos e negros. Mas, na verdade, pôs no mesmo saco origens muito diversas. Para atualizar e validar seus bancos de dados, essa agência teria de fazer uma análise similar à do Popres, usando os cerca de 500 mil marcadores. Aí, porém, eles teriam não somente três categorias, mas milhares delas. Factível? Provavelmente sim. Necessário? Provavelmente não. **CH**

FRANKLIN RUMJANEK

Instituto de Bioquímica Médica,
Universidade Federal do Rio de Janeiro
franklin@bioqmed.ufrj.br