

Ancestralidade genética da população do Paraguai

F. Simão[✉], A.P. Ferreira, C. Vullo, C. Xavier, M. Catelli, G. Huber, A. Quiroz, P. Machado, V. Velázquez, E.F. Carvalho, L. Gusmão, W. Parson. [✉]Laboratório de Diagnóstico por DNA (LDD), UERJ, Rio de Janeiro, Brasil; e-mail: f.simao@campus.fct.unl.pt

Introdução. O Paraguai é separado pelo rio Paraná na região Este e região Oeste. À chegada dos colonizadores espanhóis ao território, no século XVI, a região Este era ocupada, maioritariamente, por nativo-americanos pertencentes ao grupo linguístico Guaraní. Atualmente, 14 dos 17 departamentos do Paraguai estão localizados na região Este do país, compreendendo cerca de 98 % da população total. Após a “Guerra da Tríplice Aliança” (1865-1870), houve uma redução da população do Paraguai para menos de metade. Depois disso, a imigração para o território foi estimulada [1,2].

Objetivos. i) investigar a ancestralidade materna do Este do Paraguai através do sequenciamento da região controlo do DNA mitocondrial (mtDNA); ii) elucidar a estrutura genética e os padrões de migração no território, ao combinar mtDNA e marcadores autossômicos informativos de ancestralidade (AIM-Indels).

Material e Métodos. Foram coletadas 299 amostras sanguíneas de indivíduos não relacionados, residentes no Este do Paraguai. A região controlo total do mtDNA foi sequenciada através da metodologia de Sanger. A comparação dos haplótipos com a sequência de referência de Cambridge revista (rCRS) foi efetuada no software Sequencher. Os haplogrupos foram determinados com a ajuda da base de dados EMPOP [3]. Um total de 39 amostras foram amplificadas para 46 AIM-Indels [4], e as proporções de ancestralidade foram calculadas no software Structure [5].

Resultados e Discussão. A amostra analisada revelou uma elevada diversidade haplotípica (0.9937 ± 0.0011) para o mtDNA: 88 % das amostras pertencem a haplogrupos nativo-americanos, 8 % a europeus e apenas 4 % são africanos (Fig. 1). Na análise das proporções de ancestralidade com base nos 46 AIM-Indels, verificou-se uma maior contribuição Europeia (60 %) (Tabela 1). Para avaliar um possível enviesamento dos cruzamentos, foram comparadas as ancestralidades obtidas com o mtDNA e os marcadores autossômicos. A contribuição paterna esperada foi calculada assumindo que a ancestralidade autossômica é aproximadamente igual à média da presente nos marcadores de linhagem (Tabela 1). Contudo, neste pressuposto, o valor esperado de contribuição paterna europeia foi superior a 100 %, enquanto a contribuição nativo-americana foi negativa (Tabela 1). Estes resultados suportam a existência de eventos de mistura recentes entre indivíduos do Paraguai e outras populações, provavelmente já miscigenadas, onde os homens terão contribuído com uma elevada

ancestralidade europeia. De facto, o mesmo tipo de desvio foi previamente observado numa amostra da Antioquia, como resultado de fluxo genético de homens europeus, depois da mistura inicial [6].



Figura 1: Distribuição dos haplogrupos de mtDNA nas 299 amostras do Paraguai

	Africano	Europeu	Nativo-americano
mtDNA	0,075	0,075	0,850
AIM-Indels	0,092	0,599	0,309
Y-Chr	0,109	1,123	-0,232

Tabela 1: Ancestralidade estimada para mtDNA e AIM-Indels em 39 amostras do Paraguai, e valor extrapolado para a contribuição paterna.

Conclusões. Este estudo representa a primeira tentativa de avaliar a composição genética da população miscigenada do Paraguai. Foi observada uma alta diversidade haplotípica; e a diversidade das linhagens nativas americanas foi também elevada. Os resultados da comparação da informação do mtDNA e autossômica destaca a importância dos eventos de mistura que sucederam a primeira interação entre homens europeus e mulheres nativas americanas, durante o período colonial, e o papel do fluxo genético na modulação da composição genética da população atual do Paraguai.

Agradecimentos. Agradecemos a Bettina Zimmermann, do Instituto de Medicina de Legal da Medical University of Innsbruck, pelo apoio técnico.

Referências.

- [1] M. Hebblethwaite, Paraguay, Bradt Travel Guides, Chalfont St Peter, 2010; [2] P. Lambert A. Nickson, ed., The Paraguay Reader: History, Culture, Politics, Duke University Press Books, Durham and London, 2012; [3] W. Parson, A. Dür, EMPOP-a forensic mtDNA database, Forensic Sci. Int. Genet. 1 (2007) 88-92; [4] R. Pereira, C. Phillips, N. Pinto et al., Straightforward inference of ancestry and admixture proportions through ancestry-informative insertion deletion multiplexing. PLoS One 7 (2012) e29684; [5] D. Falush, M. Stephens, J.K. Pritchard, Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. Genetics 164 (2003) 1567-1587; [6] W. Rojas, M.V. Parra, O. Campo et al., Genetic make up and structure of Colombian populations by means of uniparental and biparental DNA markers, Am J Phys Anthropol. 143 (2010) 13-20.