



**Universidade:  
presente!**

**UFRGS**  
PROPEAQ



**XXXI SIC**

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2019
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Desenvolvimento de Sistema de Monitoramento e Avaliação de Tecnologias para o uso Forense Aplicado a Rastreabilidade de Cannabis sativa L. (Maconha) em Território Brasileiro
<b>Autor</b>	LUANA DELA VEDOVA REDIVO
<b>Orientador</b>	FLAVIO ANASTACIO DE OLIVEIRA CAMARGO

## Universidade Federal do Rio Grande do Sul

### Desenvolvimento de Sistema de Monitoramento e Avaliação de Tecnologias para o uso Forense Aplicado a Rastreabilidade de *Cannabis sativa* L. (Maconha) em Território Brasileiro

Aluno: Luana Dela Vedova Redivo

Orientador: Prof. Dr. Flávio Anastácio de Oliveira Camargo

A maconha, uma droga feita a partir da planta *Cannabis sativa*, é a droga ilícita mais consumida no mundo. A quantidade de maconha apreendida pela Polícia Federal, no Brasil, apresenta uma tendência de crescimento desde 2003, ultrapassando 200 toneladas nos últimos anos. O país enfrenta sérios problemas relacionados ao tráfico nacional e internacional desta droga, já que seu grande território e suas diversas fronteiras facilitam a ocorrência desse crime. O desenvolvimento de sistemas de rastreabilidade da origem geográfica de *Cannabis sativa* se faz fundamental, tendo a finalidade de colaborar com a inteligência policial no desmembramento de redes de tráfico e erradicação da droga no país. Para isso, fez-se uma abordagem de qualificação e quantificação de aminoácidos presentes em *Cannabis* via cromatografia líquida de alta eficiência com detector de fluorescência induzida por laser (HPLC-LIF) seguida por análise quimiométrica dos resultados. Vale ressaltar que essa pesquisa é inédita no Brasil e no mundo.

As amostras, oriundas de cultivos outdoor ilegais, constituem-se da parte aérea de *Cannabis* e são provenientes de uma operação de apreensão da Polícia Federal do Brasil ocorrida em 2014. As amostras analisadas vieram da região das margens do rio São Francisco, localizadas nos estados de Pernambuco e Bahia. Doze aminoácidos (arginina, serina, aspartato, glutamato, treonina, glicina, tirosina, alanina, valina, fenilalanina, leucina + isoleucina, lisina) foram quantificados nas 5 amostras de *Cannabis sativa* avaliadas no presente estudo e as leituras foram feitas em duplicatas para cada amostra. Os aminoácidos foram derivatizados com naftaleno dicarboxialdeído (NDA) e o produto resultante foi analisado em HPLC-LIF, com eluição em gradiente, utilizando como fases móveis água acidificada a pH 2 com ácido trifluoroacético (TFA) - fase móvel A e Acetonitrila, fase móvel B. A detecção dos compostos foi feita através de fluorescência induzida por laser em 405 nm. A análise dos resultados foi feita por heatmap e análise por agrupamentos hierárquicos (H&HCA), e análise por componentes principais (PCA) no software RStudio.

Os resultados apresentados pelo H&HCA e pela PCA convergiram, já que ambas abordagens matemáticas agruparam as amostras 100, 106 e 113, deixando as amostras 111 e 123 formando seus próprios grupos. A PCA evidenciou a relação direta entre as concentrações dos aminoácidos e as amostras 111 e 123, uma vez que essas amostras apresentaram as maiores médias de concentração de aminoácidos. O H&HCA agrupou corretamente os aminoácidos, ligando aqueles com concentrações médias semelhantes; a PCA, por outro lado, formou grupos com as amostras de forma explícita. As amostras analisadas são provenientes de locais geograficamente distantes, e somente as amostras 111 e 113 foram coletadas no mesmo local, então deveriam ter sido agrupadas, o que não ocorreu. Contudo, há de se considerar que análises por agrupamentos são menos exatas quando o número de amostras é pequeno, como é o caso do presente estudo até o momento. As duas abordagens se mostraram complementares e ajudaram a elucidar as relações entre as amostras e os aminoácidos quantificados; com um número maior de amostras analisadas espera-se aumentar a exatidão dos agrupamentos.