



UNIVERSIDADE LUTERANA DO BRASIL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM DIAGNÓSTICO
GENÉTICO-MOLECULAR

ANÁLISES DAS FREQUÊNCIAS ALÉLICAS DE 15 *SHORT*
***TANDEM REPEATS* NA POPULAÇÃO DO ESTADO DO**
PARANÁ E DAS DISTÂNCIAS GENÉTICAS ENTRE
POPULAÇÕES RELACIONADAS

Dissertação de Mestrado apresentada ao
Programa de Pós-Graduação em
Diagnóstico Genético e Molecular da
Universidade Luterana do Brasil para
obtenção do Grau de Mestre em
Diagnóstico Genético e Molecular

Lilian de Assis Poiares

Orientadora: Dra. Cláudia Maria Dornelles da Silva

CANOAS

2009

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

Este trabalho foi desenvolvido no Laboratório Alvaro S/A em parceria com o Instituto de Investigação Científica do Paraná, Cascavel, PR.

AGRADECIMENTOS

A Deus.

À orientadora deste trabalho, prof^a. Dr^a. Cláudia Maria Dornelles da Silva.

Ao Dr. Fabiano Sandrini.

Aos membros da banca examinadora.

Aos professores deste curso de Pós-Graduação.

Aos colegas de aula e aos colegas de trabalho.

Ao Laboratório Alvaro e ao Instituto de Investigação Científica do Paraná pelo apoio financeiro ao desenvolvimento deste trabalho.

E em especial ao meu esposo, pelo incentivo, compreensão e dedicação e a minha filha Ana Luiza pelo amor e carinho.

ÍNDICE

CAPÍTULO 1

RESUMO-----	5
ABSTRACT-----	6
1. INTRODUÇÃO-----	7
2. JUSTIFICATIVA E OBJETIVOS-----	12

CAPÍTULO 2

Artigo Científico: 15 STR loci frequencies in the population from Paraná, Southern Brazil-----	13
---	----

CAPÍTULO 3

CONCLUSÕES-----	24
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS-----	26

RESUMO

As freqüências alélicas de 15 marcadores moleculares foram estudadas utilizando DNA de 4.076 indivíduos submetidos a testes de investigação de vínculo genético no Estado do Paraná, região Sul do Brasil. Os marcadores estudados são os mais comumente usados para investigação de paternidade e na medicina forense. As análises foram feitas usando o kit comercial AmpFISTR® Identifier (Applied Biosystems). Os loci mais polimórficos foram o D2S1338 e o D18S51. Com exceção do loco D13S317, todos os outros atingiram o equilíbrio de Hardy-Weinberg. Os dados obtidos foram comparados com dados de outras populações.

Palavras chave: Freqüências alélicas; Marcadores Moleculares; População do Paraná; Brasil.

ABSTRACT

We studied the allele frequencies of 15 molecular markers in samples of whole blood obtained from 4076 individuals tested for genetic linkage of research in the State of Paraná, southern Brazil. The markers studied are the most commonly used for investigation of paternity and forensic medicine. The tests were performed using the commercial kit AmpFISTR® Identifiler (Applied Biosystems). The most polymorphic loci were the D2S1338 and D18S51. Except for locus D13S317, all the other reached the Hardy-Weinberg equilibrium. The data obtained were compared with data from other populations.

Keywords: Allele frequencies; Short Tandem Repeats; Paraná population; Brazil.

1. INTRODUÇÃO

1.1. Imigração no Estado do Paraná

O Paraná é um dos Estados com a maior diversidade étnica do Brasil, são 28 etnias, entre elas: portuguesa, alemã, polonesa, ucraniana, italiana, japonesa, entre outras. Foi a partir de 1850, quando o Paraná deixou de ser província de São Paulo, que o Governo local iniciou uma campanha para atrair novos imigrantes. Entre 1853 e 1886, o Estado recebeu cerca de 20 mil imigrantes. Cada um dos povos que colonizaram o Paraná formou colônias nas regiões do Estado (*site: Governo do Estado do Paraná, 2008*).

No Paraná, a partir de meados do século XIX, destacam-se as grandes levas de portugueses atraídos pela explosão cafeeira do norte novo do Paraná, no eixo compreendido entre Londrina, Maringá, Campo Mourão até Umuarama. A cidade de Paranaguá foi, e continua sendo até hoje, a cidade do Paraná que tem mais traços da cultura e herança lusitana. Foi a porta de entrada dos portugueses e manteve alguns traços característicos desse legado (*site: Governo do Estado do Paraná, 2008*).

Os italianos foram os que ocuparam o primeiro lugar nas imigrações brasileiras. No Paraná, eles contribuíram muito trabalhando nas lavouras de café e, mais tarde, em outras culturas (*site: Governo do Estado do Paraná, 2008*).

A região oeste do Paraná foi composta por fluxos migratórios de diferentes frentes, entre elas: a Cabocla (deslocamento da população de Guarapuava para o Oeste do Paraná), a Sulista (deslocamento da população do Sul do País) e a Cafeeira (com tradição de plantio de café, famílias deslocaram-se de várias partes do Brasil). Este fluxo se deu por volta dos anos 50 como resultado da liberação da mão-de-obra da região do café no norte do Paraná e da crise da pecuária e da agricultura no Rio Grande no Sul (*site: Cidade de Cascavel, 2008*).

1.2 DNA na identificação humana

A medicina forense é um ramo da medicina legal que atua basicamente nos casos de investigação de paternidade e crimes. Nos últimos anos, houve um acréscimo notável de pedidos de investigações nessa área, devido fundamentalmente, ao melhor poder informativo proporcionado por exames que se baseiam em análises do DNA (ácido desoxirribonucléico) (Butler, 2005).

O DNA é uma molécula biológica complexa localizada no núcleo das células. Esse contém a informação genética de um indivíduo necessária para codificar suas proteínas. O DNA apresenta regiões codificantes chamadas de genes e regiões não codificantes. Os genes são responsáveis pela determinação das seqüências das proteínas (Marques, 2003).

Tão logo se teve consciência da importância dos genes na determinação das características individuais, conceitos e métodos genéticos passaram a ser utilizados na solução de questões relacionadas com a identificação humana. A análise do DNA para a identificação dos indivíduos baseia-se no fato de que cada ser humano apresenta características fenotípicas próprias, porque possui uma composição genética única, com exceção de gêmeos idênticos. Além disso, o DNA de um indivíduo é igual em qualquer célula de seu corpo. Esses princípios permitem identificar um “perfil molecular”, a partir de uma amostra de DNA originada de qualquer tecido (Marques, 2003).

A análise do DNA na determinação do perfil molecular de um indivíduo, além de extremamente precisa, pode ser realizada com quantidades mínimas de material, como por exemplo, a partir de um fio de cabelo ou de uma gota de sangue. Outra grande vantagem é que mesmo no caso de amostras velhas, ou ainda, estarem misturadas, existe boa chance de se chegar a um resultado conclusivo. Por essas razões, a análise do DNA tem revolucionado os métodos de identificação humana aplicados à medicina forense (Dolinski & Pereira, 2007; Pena, 2007).

Com o advento da tecnologia do DNA recombinante e da amplificação enzimática de DNA por PCR, existe agora uma série de métodos que permitem a

caracterização de polimorfismos moleculares com a utilização de DNA. A novidade mais importante para a área é que os marcadores obtidos com tecnologia de DNA tendem a ser muito mais polimórficos que os marcadores protéicos. Com isso, o potencial do uso de marcadores é atualmente ilimitado (Marques, 2003).

As técnicas de análises de DNA na medicina forense fundamentam-se nas análises de polimorfismos genéticos, principalmente os STRs (do inglês, *Short Tandem Repeats*) e no número de locos usados (Tracey, 2001). Os STRs são regiões microssatélites, usualmente contendo di, tri ou tetranucleotídeos, que estão em seguimento num local particular do cromossomo e que apresentam variações no número de cópias. Os microssatélites (< 150 pb) são altamente freqüentes no genoma humano, sendo encontrados a cada 1 ou 2 mil pares de bases (kbp). O número de repetições por locos é altamente variável entre indivíduos da mesma espécie, podendo ser estudados com sondas de DNA ou com a chamada técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) (Pena, 2007).

Os STRs são hoje um dos mais eficazes instrumentos para a caracterização genética individual e populacional. Nos últimos anos, vários países europeus começaram a criar bancos de dados nacionais e locais com as freqüências alélicas de regiões STR (Andreini et al, 2007; Carril et al, 2004; Lancia et al, 2006; Sobrino et al, 2005). No Brasil, alguns trabalhos realizados em diferentes Estados apresentam as freqüências alélicas de STRs nas suas populações, como indicado na Tabela 1.

As análises de STRs são de fundamental importância para a ciência forense, principalmente com a criação de banco de dados contendo as freqüências alélicas de STRs das populações. Os cálculos estatísticos utilizam como base as freqüências alélicas de cada marcador STR encontrado em representantes da população estudada (Gill, 2002).

O reconhecimento da necessidade da criação de critérios e normas para a tipagem de DNA dentro da comunidade forense dos Estados Unidos resultou na formação de um grupo nacional de cientistas no final de 1980, chamado

TWGDAM (*Technical Working Group on DNA Analysis Methods*). Esse grupo publicou uma série de normas que foram implementadas em laboratórios públicos que realizavam testes de DNA forense. A finalidade era criar um padrão nacional de qualidade para a obtenção de certificação/credenciamento (Iwamura & Muñoz, 2003).

O *Federal Bureau of Investigation* (FBI), agência americana de investigação, tem sido líder no desenvolvimento de tecnologias para genotipagem de DNA para uso na identificação de criminosos. Em 1997, o FBI anunciou a seleção de 13 loci de STRs para constituir o banco de dados nacional dos Estados Unidos – CODIS. Os treze loci que fazem parte desse sistema são: vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D13S317, D7S820, D16S539, D3S1358, D5S818, TH01, TPOX e CSF1PO (Ban, 2001).

Tabela 1. Estados brasileiros com dados de frequências alélicas de marcadores STRs publicados.

Estados brasileiros	Sistema utilizado*	Nº STRs	Referências
Alagoas	Gene Print Silver Stain	9	Da Silva <i>et al</i> , 2002.
Amazônia	<i>in house</i>	13	Rodrigues <i>et al</i> , 2007.
Maranhão	<i>in house</i>	5	Ferreira <i>et al</i> , 2005.
Minas Gerais	Identifiler	15	Castillo <i>et al</i> , 2008.
Paraíba	Powerplex	13	Gomes <i>et al</i> , 2007.
Pernambuco	Powerplex	13	Dellalibera <i>et al</i> , 2004.
Rio de Janeiro	Identifiler, PowerPlex	16	Góes <i>et al</i> , 2004.
Rio Grande do Sul	Identifiler	15	Chula <i>et al</i> , 2008.
São Paulo	Identifiler	15	Fridman <i>et al</i> , 2008.
Brasil	<i>in house</i>	19	Whittle <i>et al</i> , 2004.
Brasil	Profiler e Cofiler	13	Grattapaglia <i>et al</i> , 2001.

* Profiler, Cofiler e Identifiler, empresa Applied Biosystems; Powerplex e *Gene Print Silver Stain*, empresa Promega Corporation.

2. JUSTIFICATIVA E OBJETIVOS

Em virtude da grande diversidade étnica observada no Estado do Paraná e do fato de não se ter nenhuma publicação das freqüências alélicas de marcadores STR nessa população, o presente trabalho possui os seguintes objetivos:

- a. Identificar as freqüências alélicas de 15 loci *Short Tandem Repeats* na população do Estado do Paraná submetidos à análise por DNA para investigação de vínculo genético.
- b. Demonstrar o poder de discriminação e de exclusão dos loci estudados.
- c. Correlacionar as freqüências alélicas encontradas com as de outras populações relacionadas, visando identificar as distâncias genéticas entre elas.

CAPÍTULO 2

ARTIGO CIENTÍFICO ACEITO PARA PUBLICAÇÃO NA REVISTA *FORENSIC SCIENCE INTERNATIONAL*

15 STR loci frequencies in the population from Paraná, Southern Brazil

15 STR loci frequencies in the population from Paraná, Southern Brazil

Lilian de Assis Poiares^{a,b}, Paulo de Sá Osorio^{a,b}, Fábio Alexandre Spanhol^a, Sidnei César Coltre^a, Rodrigo Rodenbusch^c, Claudia Castelo Branco^d, Paula R. Pacheco^d, Luisa Mota-Vieira^d, Alvaro Largura^{a,b}, Fabiano Sandrini^{a,b}, Cláudia Maria Dornelles da Silva^{c,e,*}

^a Laboratório Alvaro, Centro de Análises e Pesquisas Clínicas, Rua General Osório, 3212, Bairro Centro, 85801-110, Cascavel, Paraná, Brazil.

^bInstituto de Investigação Científica do Paraná, Laboratório Alvaro - Rua General Osório, 3212, Bairro Centro, 85801-110, Cascavel, Paraná, Brazil.

^cLaboratório de Investigação de Paternidade, Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CDCT), Fundação Estadual de Produção e Pesquisa em Saúde (FEPPS), Av. Ipiranga, 5400, Bairro Jardim Botânico, 90610-000, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brazil.

^dUnidade de Genética e Patologia Moleculares, Hospital do Divino Espírito Santo de Ponta Delgada, EPE, Av. D. Manuel I, 9500-370, São Miguel, Açores, Portugal.

^eUniversidade Luterana do Brasil, Curso de Pós-graduação em Diagnóstico Genético Molecular, Av. Farroupilha, 8001, Bairro São José, CEP 92425-900, Canoas, Rio Grande do Sul, Brazil.

* Corresponding author: Fundação Estadual de Produção e Pesquisa em Saúde, Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Laboratório de Investigação de Paternidade, Av. Ipiranga, 5400, Jardim Botânico, CEP 90610-000, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brazil. Tel/fax: + 55 51 33520336.

Email address: cmdornelles@terra.com.br

Abstract

Allele frequencies for 15 short tandem repeats (STR) loci were obtained from a sample of 4076 unrelated individuals undergoing paternity testing. The population is from Paraná, Southern Brazil. The loci are the most commonly used in forensic and paternity testing, being analyzed by the AmpF/STR[®] Identifiler (Applied Biosystems) commercial kit. The most polymorphic loci were D2S1338 and D18S51. Excepting the D13S317, all loci were in Hardy-Weinberg equilibrium. Comparative analyses between our population data and other populations are presented.

Keywords: Allele frequencies; Short Tandem Repeats; Paraná population; Brazil

Population: Blood sample from 4076 unrelated individuals were obtained from paternity testing cases (mothers and fathers) in Paraná State (10 million people), localized in Southern Brazil. All participants signed an informed consent. Paraná is one of Brazilian states with the widest ethnic diversity. Portuguese, Germans, Poles, Ukrainians, Italians, Arabs, Dutch and Japanese are some of the ethnic groups that contributed to the genetic pool of today's Paraná [1].

DNA extration: Genomic DNA was extracted from whole blood samples using QIAamp blood kit (Qiagen) following the manufacturer's instructions.

PCR: Simultaneous amplification of 15 STR loci (multiplex PCR) plus the gender determination marker, Amelogenin, were performed by using the AmpF/STR[®] Identifiler[™] PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) according to the user's manual recommendations.

Typing: The separation and genotyping of the Identifiler PCR products were carried out by capillary electrophoresis using ABI PRISM[®] 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems). All genotypes were analyzed using the GeneMapper[®] ID 3.2 software.

Results: The allele frequencies and statistical parameters for the 15 STR loci are shown in Table 1. In Table 2, pairwise genetic distances (F_{ST}) was used to compare the population of Paraná with other related populations.

Quality control: Proficiency testing of the GEP-ISFG Working Group.

Analysis of data: The Hardy–Weinberg equilibrium test, expected and observed heterozygosity, were calculated with CERVUS version 3.0.3 [2]. Analyses of

molecular variance (AMOVA, based on F -statistics; default values used for permutation tests) were performed with ARLEQUIN version 3.1 [3]. Bonferroni's correction was used for Hardy–Weinberg equilibrium test, which assumes that a 0.05 significance level obtained for 15 tests (one per locus) yields an actual significance threshold of 0.0033 [4]. Power of discrimination (PD) and probability of exclusion (PE) were estimated with PowerStats version 12 (Promega Corp.) [5].

Access to the data: Upon request by contacting corresponding author.

Other remarks: The allele frequencies for the 15 STR loci found in Paraná are shown in Table 1. Except D13S317 ($P=0.0003$), all loci analysed were in Hardy–Weinberg equilibrium after Bonferroni correction ($P>0.0033$). Combined power of discrimination (PC) and combined power of exclusion (PE) for the 15 tested STR loci were 0.9999999999999999 and 0.999999172, respectively. The polymorphism information content (PIC) values ranged from 0.6321 for TPOX to 0.8680 for D2S1338.

The allelic frequencies for each locus in Paraná's population were compared with four populations: Rio Grande do Sul (southern Brazil), São Paulo (southeast Brazil), Portugal and Italy [6-9] (see Table 2). For 15 STR loci compared, significant differences (after Bonferroni's correction; $P<0.0033$) were observed between Paraná and Rio Grande do Sul in one loci (CSF1PO), as well as Paraná and São Paulo in four (CS1PO, TH01, D2S1338, D18S51). We also observed significant differences ($P<0.0038$) between Paraná and Portugal in two loci (D21S11 and CSF1PO), as well as Paraná and Italy in six (D21S11, CSF1PO, D3S1358, TH01, TPOX, D5S818), suggesting that Italy is the most genetically distant. As expected, the data shows that Paraná is closer to Rio Grande do Sul

and Portugal (Azorean population). Historical records show that Azoreans began migrating to Brazil's southern states in 18th century. Today, the people of Paraná are largely of Portuguese-Brazilian descent [1]. Although, São Paulo is a neighbour State of Paraná, the genetic differences observed between them may be explained by the ethnic features of São Paulo [10]: large flow of people coming mainly from the northeastern region of Brazil, which are genetically different from people of the south [11]. The calculated forensic parameters showed that the studied loci are useful for the solution of forensic problems in Brazilian southern region. This paper follows the guidelines for publication of population data requested by the journal [12].

Acknowledgements

This work was supported by Laboratório Alvaro S/A, Instituto de Investigação Científica do Paraná (IICP), Brazil .

References

[1] Encyclopaedia Britannica. 2008. Available on the Internet at: <http://www.britannica.com/EBchecked/topic/443044/Parana>.

[2] S.T. Kalinowski, M.L. Taper, T.C Marshall, Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Mol. Ecol.* 16 (2007) 1099-1006. Available on the Internet at: <http://www.fieldgenetics.com>.

- [3] L. Excoffier, G. Laval G, S. Schneider, Arlequin version 3.1 : an integrated software package for population genetics data analysis, *Evol. Bioinform.* 1 (2005) 47-50. Available on the Internet at: <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3/>.
- [4] B.S. Weir, Multiple tests, in: *Genetic Data Analysis II*, Sinauer Associates, USA, 1996, p. 134.
- [5] PowerStats version 12. Promega corporation website:
<http://www.promega.com/geneticidtools/powerstats/>.
- [6] F.G.L. Chula, R. Rodenbusch, S. Schumacher, T. Grandi, C.T. Michelon, A. Z. Gastaldo, C. Costi, B. Carvalho, C.M.D. Silva, 15 STR loci frequencies with mutation rates in the population from Rio Grande do Sul, Southern Brazil, *Forensic Sci. Int.: Genetics* in press (2008), doi:10.1016/j.fsigen.2008.05.006.
- [7] C. Fridman, P.C. Santos, P. Kohler, C.F. Garcia, L. F. Lopez, E. Massad, G.J. F. Gattás, Brazilian population profile of 15 STR markers, *Forensic Sci. Int.: Genetics* 2 (2008) e1–e4.
- [8] C.C. Branco, M. São Bento, C.T. Gomes, R. Cabral, A.M. Vicente, P.R. Pacheco, L. Mota-Vieira, Study of the genetic relationship and diversity patterns in the Azores based on 15 STR markers, *Forensic Sci. Int.: Genetics* 1 (2008) 312-314.
- [9] F. Brisighelli, C. Capelli, I. Boschi, P. Garagnani, M.V. Lareu, V.L. Pascali, A. Carracedo, Allele frequencies of fifteen STRs in a representative sample of the Italian population, *Forensic Sci. Int.: Genetics*, in press (2008), doi:10.1016/j.fsigen.2008.05.002.
- [10] S.P. Bydlowski, R.S. de Moura-Neto, R.P.S. Soares, R. Silva, A.A. Debes-Bravo, L. Morgant, Genetic data on 12 STRs (F13A01, F13B, FESFPS, LPL,

CSF1PO, TPOX, TH01, vWA, D16S539, D7S820, D13S317, D5S818) from four ethnic groups of São Paulo, Brazil, *Forensic Sc. Int.* 135 (2003) 67–71.

[11] Z. Arpini-Sampaio, M.C.B. Costa, A.A. Melo, M.F.V.A. Carvalho, M.S.M. Deus, A.L. Simões, Genetic polymorphisms and ethnic admixture in African-derived black communities of northeastern Brazil, *Hum. Biol.* 71 (1999) 69–85.

[12] P. Lincoln, A. Carracedo, Publication of population data of human polymorphism. *Forensic Sci. Int.* 110 (2000) 03-05.

Table 1

Allele frequencies of 15 STR loci, HWE and parameters of forensic interest estimated for Paraná's population in Brazil.

Allele	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
5						0.0017		0.0002				0.0016			
6				0.0001		0.2356		0.0006				0.0081			
7			0.0168	0.0047		0.2052	0.0009					0.0040		0.0171	
8	0.0091		0.1561	0.0105		0.1274	0.1116	0.0220				0.4698	0.0001	0.0080	
9	0.0092		0.1184	0.0240		0.1591	0.0920	0.1424				0.1140	0.0009	0.0400	
9.3						0.2594									
10	0.0761		0.2669	0.2650		0.0111	0.0600	0.0717		0.0015		0.0642	0.0106	0.0629	
10.2				0.0002		0.0001							0.0001		
11	0.0817		0.2385	0.3036	0.0006	0.0004	0.2916	0.2892		0.0151	0.0023	0.2821	0.0103	0.3421	
12	0.1360		0.1691	0.3163	0.0018		0.2736	0.2841		0.0926	0.0004	0.0546	0.1256	0.3530	
12.2										0.0090			0.0004		
13	0.2959		0.0313	0.0659	0.0029		0.1217	0.1591		0.2383	0.0037	0.0015	0.1249	0.1597	
13.2										0.0346			0.0002		
14	0.2375		0.0029	0.0081	0.0972		0.0469	0.0291	0.0002	0.3079	0.0885	0.0001	0.1735	0.0160	
14.2										0.0265			0.0011		
15	0.1188			0.0016	0.2863		0.0017	0.0015	0.0007	0.1559	0.1237		0.1484	0.0010	0.0001
15.2										0.0557			0.0004		0.0001
16	0.0301				0.2532			0.0001	0.0413	0.0415	0.2498		0.1345	0.0001	0.0012
16.2										0.0169			0.0002		
17	0.0050				0.2036				0.2091	0.0017	0.2644		0.1169	0.0001	0.0011
17.2										0.0018			0.0004		
18	0.0006				0.1419				0.0920	0.0001	0.1838		0.0671		0.0096
18.2										0.0009			0.0004		0.0012
19					0.0109				0.1148		0.0693		0.0421		0.0777
19.2													0.0001		0.0005

20		0.0016	0.1368	0.0126	0.0237	0.1198
21			0.0423	0.0015	0.0108	0.1640
21.2					0.0002	0.0030
22			0.0582		0.0041	0.1628
22.2						0.0042
23			0.1270		0.0017	0.1467
23.2						0.0020
24			0.0866		0.0005	0.1468
24.2	0.0015					0.0001
25	0.0009		0.0749			0.1020
25.2	0.0007					0.0001
26	0.0009		0.0141		0.0002	0.0410
26.2						0.0004
27	0.0264		0.0020		0.0006	0.0105
28	0.1528					0.0037
29	0.2198					0.0011
29.2	0.0012					
30	0.2467					0.0004
30.2	0.0324					0.0006
31	0.0589					0.0001
31.2	0.0973					0.0005
32	0.0108					
32.2	0.1030					0.0002
33	0.0014					
33.2	0.0356					
34	0.0017					
34.2	0.0031					
35	0.0036					
35.2	0.0006					
36	0.0005					
37	0.0002					
43.2						0.0002
44.2						0.0001

45.2															0.0001
Allele	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
<i>N</i>	8142	8120	8144	8152	8146	8138	8148	8144	8134	8128	8122	8150	8128	8144	8108
<i>HO</i>	0.8032	0.8357	0.7962	0.7220	0.7803	0.7818	0.7901	0.7890	0.8704	0.7956	0.8062	0.6768	0.8740	0.7243	0.8805
<i>HE</i>	0.8101	0.8408	0.8038	0.7327	0.7831	0.7936	0.7987	0.7838	0.8797	0.8083	0.8059	0.6796	0.8777	0.7269	0.8717
<i>PCI</i>	0.7853	0.8222	0.7751	0.6845	0.7489	0.7611	0.7713	0.7515	0.8680	0.7843	0.7783	0.6321	0.8650	0.6820	0.8577
<i>PD</i>	0.939	0.956	0.933	0.882	0.918	0.925	0.931	0.921	0.974	0.939	0.934	0.850	0.972	0.881	0.969
<i>PE</i>	0.605	0.667	0.592	0.463	0.563	0.566	0.581	0.579	0.735	0.591	0.611	0.393	0.742	0.467	0.756
<i>P</i>	0.3676	0.4128	0.8445	0.7635	0.0365	0.0239	0.0003	0.0497	0.0267	0.0156	0.3240	0.6019	0.9887	0.7045	0.2654

N: number of chromosomes; *HO*: observed Heterozygosity; *HE*: expected Heterozygosity; *PCI*: polymorphism information content; *PD*: power of discrimination; *PE*: power of exclusion; *P*: Hardy-Weinberg equilibrium exact probability tests; **P*: statistically significant after Bonferroni's correction

Table 2Genetic distances (F_{ST} analysis) between the studied sample and other populations.

Microssatelite Markers	Population			
	Rio Grande do Sul, Brazil [6]	São Paulo, Brazil [7]	Portugal [8]	Italy [9]
D8S1179	-0.00021	0.00047	0.00097	0.00121
D21S11	-0.00007	0.00086	0.00251*	0.00289*
D7S820	-0.00015	0.00164	0.00017	0.00142
CSF1PO	0.01141*	0.01470*	0.00452*	0.01283*
D3S1358	-0.00027	0.00130	0.00024	0.00337*
TH01	0.00070	0.00363*	0.00119	0.00484*
D13S317	0.00052	0.00215	0.00122	0.00104
D16S539	0.00009	0.00158	0.00056	-0.00014
D2S1338	0.00013	0.00209*	n.a	n.a
D19S433	0.00027	0.00166	n.a	n.a
vWA	-0.00005	0.00123	-0.00020	-0.00021
TPOX	-0.00009	0.00032	0.00349	0.00425*
D18S51	0.00023	0.00133*	0.00052	0.00031
D5S818	0.00032	0.00229	0.00042	0.00595*
FGA	0.00038	0.00023	0.00109	0.00031

n.a. not available

*significant genetic distance values after applying Bonferroni's correction.

CAPÍTULO 3

CONCLUSÕES

1. Os loci mais polimórficos encontrados foram D2S1338 e D18S51.
2. Excetuando-se o locus D13S317, todos os demais atingiram o equilíbrio de Hardy-Weinberg.
3. O poder discriminatório combinado e o poder de exclusão combinado dos 15 loci STR foram 0,9999999999999999 e 0,999999172, respectivamente.
4. As comparações entre os 15 loci STR demonstraram significativas diferenças entre os Estados do Paraná e do Rio Grande do Sul em um locus (CSF1PO), e entre o Paraná e São Paulo em quatro (CS1PO, TH01, D2S1338, D18S51).
5. Diferenças significativas também foram encontradas entre Paraná e Portugal em dois loci (D21S11 and CSF1PO), e entre o Paraná e a Itália em seis (D21S11, CSF1PO, D3S1358, TH01, TPOX, D5S818), sugerindo que a Itália possui maior distância genética.
6. Os dados mostram que a população do Paraná é próxima a do Rio Grande do Sul e de Portugal.
7. Os parâmetros forenses calculados mostraram que os loci estudados são úteis para a solução de problemas relacionados com identificação humana na amostra analisada.
8. Como perspectiva de continuidade desse estudo, pretende-se analisar dados de frequências alélicas de 15 marcadores STR obtidos em análises de investigação de paternidade, cujos indivíduos são oriundos de vários

Estados brasileiros, de modo a atualizar as publicações existentes, bem como fazer comparações de distância genética entre as populações das diferentes regiões brasileiras (sul, sudeste, centro-oeste, nordeste e norte).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Andreini E, Frison S, Longhi E, Torelli R, De Fazio N, Poli F. Allele frequencies for nine STR loci (D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317, D7S820) in the Italian population. *J Forensic Sci* 2007, 168: 13-16.
- Ban J.D. Establishing a large DNA data bank using PowerPlex™ 1.1 and 2.1 Systems. *Croat Med JI* 2001, 42: 9-256.
- Butler, J.M. Forensic DNA Typing. Biology, Technology, and Genetics of STR Markers, 2ª edição, 2005.
- Carril JC, Ocana MA, Sierra O, Molino A, Cospedal R, Puente J. Allele frequencies of 15 STR loci in a Spanish population. *Prog Forensic Genet* 2004, 10:142-144.
- Castillo DM, Perone C, Queiroz AR, Mourão PH, Vasconcellos LS, Nascimento MA, Januario JN. Populational genetic data for 15 STR markers in the Brazilian population of Minas Gerais. *Legal Med* 2009, 11: 45-47.
- Chula FGL, Rodenbusch R, Schumacher S, Grandi T, Michelon CT, Gastaldo AZ, Costi C, Carvalho B, da Silva CMD 15 STR loci frequencies with mutation rates in the population from Rio Grande do Sul, Southern Brazil. *Forensic Sci Int* 2008, in press.
- Cidade de Cascavel, site: www.cascavel.pr.gov.br/seplan/perfil/2.1ocupacaoregiaoeste.doc: Acesso em 31/10/2008.
- Da Silva LA, Pimentel BJ, de Azevedo DA, da Silva EN, dos Santos SS. Population study of seven microsatellites in Alagoas--northeastern Brazil. *J Forensic Sci* 2002, 47:1399-1400.

- Dellalibera E, Havro MLB, Souza M, Kajihara K, Mauricio-da-Silva L, Silva RS. Genetic analysis of 13 STR loci in the population from the State of Pernambuco, northeast Brazil. *Forensic Sci Int* 2004, 146: 57-59.
- Dolinski LC & Pereira LMCV. DNA Forense. Saúde & Ambiente, Duque de Caxias, v. 2, n. 2, p. 11-22, julho-dezembro de 2007.
- Ferreira FL, Leal-Mesquita ER, Santos SEB, Ribeiro-dos-Santos AK. Genetic characterization of the population of São Luís, MA, Brazil. *Genet Mol Biol* 2005, 28: 22-31.
- Fridman C, Costa dos Santos P, Kohler P, Garcia CF, Lopez LF, Massad E, Gattás GJF. Brazilian population profile of 15 STR markers. *Forensic Sci Int* 2008, 2: e1–e4.
- Gill P. Role of short tandem repeat DNA in forensic casework in the UK—past, present, and future perspectives. *Biotechniques* 2002, 32: 360-372.
- Góes AC, Silva DA, Gila EHF, Silva MT, Pereira RW, Carvalho EF. Allele frequencies data and statistic parameters for 16 STR loci—D19S433, D2S1338, CSF1PO, D16S539, D7S820, D21S11, D18S51, D13S317, D5S818, FGA, Penta E, TH01, vWA, D8S1179, TPOX, D3S1358—in the Rio de Janeiro population, Brazil. *Forensic Sci Int* 2004,140:131–132.
- Gomes AV, Mauricio-da-Silva L, Raposo G, Vieira JR, Silva RS. 13 STR loci frequencies in the population from Paraíba, Northeast Brazil. *Forensic Sci Int* 2007, 173: 231–234.
- Governo do Estado do Paraná. Disponível em: www3.pr.gov.br/e-parana/pg_etnias.php : Acesso em 28/10/2008.
- Grattapaglia D, Schmidt AB, Costa e Silva C, Stringher C, Fernandes AP, Ferreira ME. Brazilian population database for the 13 STR loci of the AmpFISTR Profiler Plus and Cofiler multiplex kits. *Forensic Sci Int* 2001, 118:91-94.

- Iwamura E.S.M. & Muñoz D.R. Análise de DNA em medicina legal, banco de dados e controle de qualidade. *Saúde, Ética & Justiça* (São Paulo) 2003, 8:7-13.
- Lancia M, Coletti A, Margiotta G, Lottani L, Carnevali E, Bacci M. Allele frequencies of 15 STR loci in an Italian population. *Int Cong Series* 2006, 1288: 340-342.
- Marques EK. Diagnóstico Genético-Molecular, Ed. Ulbra, 2003.
- Pena SDJ. Segurança Pública: determinação de identidade genética pelo DNA. *Parcerias Estratégicas* 2005, 20: 447-460.
- Rodrigues EM, Palha J, dos Santos SE. Allele frequencies data and statistic parameters for 13 STR loci in a population of the Brazilian Amazon Region. *Forensic Sci Int* 2007, 168: 244-7.
- Sobrino B, Brión M, Carracedo A. SNPs in forensic genetics: a review on SNP typing methodologies. *Forensic Sci Int* 2005, 154:181-194.
- Tracey M. Short Tandem Repeat-based Identification of Individuals and Parents. *Croatian Med J* 2001, 42:233-238.
- Whittle MR, Romano NL, Negreiros VAC. Updated Brazilian genetic data, together with mutation rates, on 19 STR loci, including D10S1237. *Forensic Sci Int* 2004, 139: 207-210.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)