

Laélia Maria Pinto

**ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO BRASILEIRA ESTIMADA A PARTIR
DE MICROSSATÉLITES DE USO FORENSE**

Belo Horizonte, MG - Brasil

Universidade Federal de Minas Gerais

Instituto de Ciências Biológicas

Departamento de Biologia Geral

Fevereiro – 2010

Livros Grátis

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

Milhares de livros grátis para download.

Laélia Maria Pinto

ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO BRASILEIRA ESTIMADA A PARTIR DE
MICROSSATÉLITES DE USO FORENSE

Dissertação apresentada ao Departamento de
Biologia Geral do Instituto de Ciências Biológicas
da Universidade Federal de Minas Gerais como
parte dos requisitos para a obtenção do grau de
Mestre em Genética.

Orientador: Prof. Eduardo M. Tarazona Santos

Belo Horizonte, MG - Brasil

Universidade Federal de Minas Gerais

Instituto de Ciências Biológicas

Departamento de Biologia Geral

Fevereiro – 2010

Agradecimentos

Agradeço primeiro a Deus por iluminar meus caminhos e me dar força para levar essa caminhada em frente.

Ao Prof. Eduardo por acreditar em mim, pelos ensinamentos e pela orientação. Aos amigos do LDGH pelo companheirismo.

À Biocod por aceitar a parceria, ceder o banco de dados, pela ajuda durante toda a execução do trabalho, pelos ensinamentos e pela confiança. Aos colaboradores do laboratório pela ajuda e companheirismo. Ao Jacques, por ceder as informações sobre a estrutura do banco de dados.

À minha família pelo apoio incondicional, pela força nas horas mais difíceis.

Aos meus amigos pelo companheirismo e por estarem ao meu lado mesmo depois todas as minhas ausências durante o tempo do Mestrado.

Resumo

A população brasileira é caracterizada por grande diversidade étnica e intensa miscigenação. O conhecimento da estrutura dessa população pode auxiliar bastante nas análises de genética forense. Estas análises utilizam comumente os marcadores microssatélites. A partir do banco de dados genéticos, provindo de resultados de teste de paternidade realizados com amostras de todo país, disponibilizado pelo Laboratório Biocod Biotecnologia, dois objetivos principais foram traçados: a caracterização de marcadores microssatélites e o estudo da estrutura genética da população brasileira a partir destes marcadores. Para as análises foram escolhidos 18 marcadores microssatélites distribuídos em dois painéis, MG2 e MG3, para genotipagem que incluem marcadores pertencentes no painel CODIS, sistema indexado de DNA padronizado pelo FBI e incluídos em sistemas comerciais, D12S391, D13S317, D16S539, D2S1338, D3S1338, D5S818, D7S820 E TH01; e marcadores pouco estudados como: D10S1237, D16S753, D21S1437, D22S534, D22S689, D3S2387, D3S2406, D5S2503, D9S938 e SE33 . A população brasileira foi dividida em sub-populações de acordo com os estados brasileiros. Os parâmetros forenses calculados, poder de discriminação (PD), probabilidade de correspondência (PC), informação polimórfica contida no marcador (PIC), poder de exclusão (PE) e taxa de mutação, mostraram que os dois painéis apresentaram resultados significativos e muito próximos aos resultados apresentados em estudos, com marcadores comercializados, tanto com populações brasileiras quanto com outras populações mundiais e que os marcadores ainda pouco conhecidos se mostraram interessantes para utilização nas análises forenses já que apresentaram resultados compatíveis com os marcadores mais informativos do sistema do FBI. Os dois sistemas juntos apresentaram um PD=0,933, um PE=0,573, uma taxa de mutação média na ordem de 10^{-4} e um índice típico de paternidade que remonta a 99,9999% a probabilidade de paternidade. O SE33 foi o marcador mais informativo, resultado este que se confirma com os resultados de outros trabalhos com o mesmo marcador. Nas análises sobre a estrutura genética da população utilizamos o AMOVA, que é baseado nas estatísticas de F de Wright (1951), e os resultados mostraram que a variação é maior dentro das populações do que entre elas. Os valores de Fst apontam pela não existência de estruturação nessas populações. O Fis e os resultados para o teste de equilíbrio de Hardy-Weinberg demonstram um excesso de homozigotos que podem ser explicados pelo princípio de Wahlund. Para definir a existência de estruturação genética na população brasileira seria necessária a análise de mais marcadores microssatélites, porém tais

marcadores são extremamente aplicáveis a estudos forenses, e estudos deste tipo são extremamente úteis para o tipo de análise, que é totalmente dependente do conhecimento dos marcadores e das populações envolvidas.

Abstract

Brazil has an admixture population constitute of the mixed ethnicity. The population structure knowledge may help in forensic genetics analyses that used microsatellites markers. The samples are from Biocod Biotecnologia database, this data was constructed the results of paternity tests collect in the whole country. The aim was microsatellites markers describe and study of population structure. In this analyses 18 markers are choice and divided into two sets: D10S1237, D12S391, D13S317, D16S539, D16S753, D21S1437, D22S534, D22S689, D2S1338, D3S1358, D3S2387, D3S2406, D5S818, D5S2503, D7S820, D9S938, SE33 e TH01. The brazilian population was divided according to brazilian states. The forensic statistical analyses, power of discrimination (PD), matching probability (PM), PIC, power of exclusion (PE) and mutation rates, showed significant results whom is closed to the CODIS system results, as the brazilian studies as the world studies. These microsatellites appear as great tools for forensic analyses so its results are compatible with the FBI markers. Together, the two sets showed PD=0,933, PE=0,573, an average mutation rate = 10^{-3} and typical paternity index with 99,9999% paternity probability. The best marker was SE33 that is the most informative in agree with others studies what this marker was included. The AMOVA is based in the Wright (1951) F'statistics and was use for population structure analyses, in this analyses the variation is bigger into population than among populations, the Fst values to point to non-structure population, the Fis results and Hardy-Weinberg deviations indicated a deficiency of heterozygotes what can be explain for Wahlund's principle. The inclusion of more microsatellites markers in this kind of study may show best results for the population structure analyses, at the same time this markers are very applicable for forensic studies, and population structure studies are useful for forensic analyses that are totally dependent of knowledge about markers and population involved in this cases.

Sumário

Lista de Figuras	09
Lista de Tabelas	10
Lista de Abreviaturas e Siglas	11
Anexos	12
I – Introdução	13
I – 1. População Brasileira	13
I – 2. Estrutura Genética de Populações	13
I – 3. Análises Estatísticas	15
I – 4. Genética Forense	17
I – 5. Banco de Dados usados para Fins Forenses	18
I – 6. Parâmetros Forenses	19
I – 7. Marcadores Microsatélites	20
I – 8. Biocod Biotecnologia	21
II – Hipótese e Justificativa	24
III – Objetivos	25
III – 1. Objetivos Específicos	25
IV – Metodologia	26
IV – 1. Área de Abrangência dos Dados	26
IV – 2. Banco de Dados	26
IV – 3. Criação do “Input – Arquivos de Entrada” para os Programas	28
IV – 8. Análise Genético Populacionais	28
V – Resultados	31
V – 1. Marcadores Microsatélites	31
V – 2. Banco de Dados	32
V – 3. Criação do “Input – Arquivos de Entrada” para os Programas	33
V – 4. Parâmetros Forenses	33
V – 5. Análises Populacionais	36

VI – Discussão	41
VI – 1. Marcadores Microsatélites	41
VI – 2. Parâmetros Forenses	42
VI – 3. Análises Populacionais	46
VII – Conclusão	49
VIII – Referências Bibliográficas	51

Lista de Figuras

Fig. 1 – área de abrangência das análises e número de indivíduos disponíveis por cada Estado	26
Fig. 2 – Exemplo de consultas realizadas no banco de dados	27
Fig. 3 – Disposição das tabelas com os dados disponíveis no banco para consulta	27
Fig. 4 – Imagem da tabela final extraída do banco, com todos os dados necessários às análises	32

Lista de Tabelas

Tabela 1 – Características dos marcadores microssatélites escolhidos para as análises.....	23
Tabela 2 – Número de indivíduos disponíveis para cada marcador escolhido	31
Tabela 3 – Distribuição dos indivíduos de acordo com os conjuntos de dados pré-definidos	32
Tabela 4 – Parâmetros forenses calculados para cada microssatélite em todas as populações. PC – Probabilidade de correspondência; PIC – informação polimórfica contida em cada marcador; PD – Poder de discriminação; e PE – Poder de exclusão	34
Tabela 5 – Representação da taxa de mutação de cada um dos marcadores utilizados nas análises	36
Tabela 6 – Tabela 6 – análise da variância molecular para o Conjunto de Dados 1 entre os grupos (regiões brasileiras), entre as populações (cada estado brasileiro) dentro de cada grupo e dentro das populações	37
Tabela 7 – Tabela 6 – análise da variância molecular para o Conjunto de Dados 1 entre os grupos (regiões brasileiras), entre as populações (cada estado brasileiro) dentro de cada grupo e dentro das populações	37
Tabela 8 – Estatísticas de F para cada marcador comparando os dois bancos de dados	38
Tabela 9 – Valores de Fis (W&C) em cada população analisada.	39
Tabela 10 – Heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e) para cada população, comparando o conjunto de dados 1 com o conjunto de dados 2	40

Lista de abreviaturas e siglas

AMOVA – Análise da Variância Molecular

FBI – *Federal Bureau of Investigation* (Órgão de Investigação de Crimes Norte-americano)

CODIS – Combined DNA Index System (painel de marcadores microssatélites padronizado pelo FBI)

pM – Probabilidade de Correspondência

STR – *Short Tandem Repeat* (Microssatélites e Minissatélites)

SMM – *Stepwise Mutation Model* (Modelo mutacional dos microssatélites)

PCR – Reação em Cadeia da Polimerase

PI – Frequências Alélicas

PE – Poder de Exclusão

PD – Poder de Discriminação

PIC – *Polymorphisms Information Content* (Informação polimórfica contida em cada marcador)

IP – Índice de Paternidade

Anexos

Anexo 1 - Imagem MG2 microssatélites marcados com a fluorescência FAM alinhados de acordo com o tamanho em pares de bases, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido	62
Anexo 2- Imagem MG2 microssatélite marcado com a fluorescência TMR, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido	63
Anexo 3 - Imagem MG2 microssatélites marcados com a fluorescência HEX alinhados de acordo com o tamanho em pares de bases, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido	64
Anexo 4 - Imagem MG3 microssatélites marcados com a fluorescência FAM alinhados de acordo com o tamanho em pares de bases, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido	65
Anexo 5- Imagem MG2 microssatélite marcado com a fluorescência TMR, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido	66
Anexo 6 - Imagem MG2 microssatélites marcados com a fluorescência HEX alinhados de acordo com o tamanho em pares de bases, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido	67
Anexo 7 - Consulta Dados Completos	68
Anexo 8 - Distribuição dos indivíduos por estado de acordo com os conjuntos de dados pré-definidos	69
Anexo 9- Valores de Fis para cada população – Conjunto de Dados 1	70
Anexo 10 - Valores de Fis para cada população – Conjunto de Dados 2	96
Anexo 11 – Probabilidade de Correspondência (PC)	122
Anexo 12 – Informação Polimórfica Contida em cada marcador (PIC)	123
Anexo 13 – Poder de Discriminação (PD)	124
Anexo 14 – Poder de Exclusão (PE)	125
Anexo 15 – Tabelas de Frequências alélicas Conjunto de Dados 1	126
Anexo 16 – Tabelas de Frequências alélicas Conjunto de Dados 2	145

I - Introdução

I – 1. População Brasileira

O Brasil tem uma população tri-híbrida, caracterizada por uma contribuição europeia, africana e ameríndia. Quando os primeiros colonizadores europeus chegaram (1500), mais de 2 milhões de ameríndios já viviam na região. Os nativos sofreram com a drástica redução populacional devido às batalhas com os colonizadores e às doenças transmitidas por eles. Antes de 1820, a colonização europeia era predominantemente de origem portuguesa. Entre 1820 e 1975, a grande maioria dos 5 milhões de imigrantes que chegaram ao Brasil já era de origem portuguesa e italiana, seguidos por espanhóis, alemães, sírios-libaneses e japoneses. Aproximadamente 3,5 milhões de africanos foram trazidos para o Brasil como escravos entre os séculos XVI e XIX, vindos principalmente do oeste, centro-oeste e sudeste da África (Ferreira, 2006).

A população brasileira é, assim, caracterizada por grande diversidade étnica e intensa miscigenação. A elevada miscigenação ocorrida no período colonial, principalmente entre brancos (portugueses) e negros (africanos), explica o rápido crescimento do contingente de mulatos em relação ao contingente de negros.

Em 1800, os negros eram 47% da população, contra 30% de mulatos e 23% de brancos. Fatores como, por exemplo, a proibição do tráfico de escravos (1850), a elevada mortalidade da população negra, o forte estímulo à imigração europeia (expansão cafeeira), além da intensa miscigenação entre brancos e negros, alteraram profundamente a composição étnica da população brasileira. Em 1880, os negros estavam reduzidos a 20% da população, contra 42% de mulatos e 38% de brancos. Daí em diante, ocorreu a diminuição constante da população negra e aumento progressivo da população branca (intensificação da imigração europeia, após a Abolição da Escravidão). Em 1991, os negros eram apenas 4,8% da população total, contra 55,2% de brancos e 39,2% de mestiços.

I – 2. Estrutura Genética de Populações

Populações naturais são dinâmicas em muitas dimensões: ao longo do tempo os tamanhos, densidade e localização das populações mudam bastante, e, ao longo do espaço, elas podem se fragmentar em diversas populações e unir-se em outras (Hey & Machado, 2003). Por isso estudos sobre a estrutura genética das populações podem dizer muito sobre o processo de evolução dessas populações.

Os estudos sobre a estrutura genética das populações vão caracterizar a variação genética dentro das e entre as populações. As análises são realizadas em amostras vindas de populações diferentes ou diferentes subdivisões da mesma população. A menos que uma população seja invariante para um determinado *loci*, diferentes populações mostraram diferentes níveis de variação genética (Weir, 1996).

Na deriva genética a frequência de um dos alelos vai aumentando até a fixação de alguns dos alelos e extinção de outros. Em populações humanas reais, muitos fatores podem alterar o efeito da deriva genética: tamanho efetivo da população e processos evolutivos (mutação, migração e seleção). Além da variabilidade aumentada pela recombinação e conversão gênica.

Os padrões de diversidade genética e estruturação das populações constituem um importante fundamento para as diversas áreas de pesquisa em genética humana (Wang et al, 2007). Porém esse conceito é sempre discutido no contexto evolucionário. A maioria dos estudos de variação humana começa por amostras de populações pré-definidas. A estrutura genética de populações subdivididas vem sendo estudada desde os anos 60.

De acordo com Pritchard (2000) em genética de populações os investigadores estão diante de dois cenários. No primeiro cenário, os pesquisadores têm uma amostragem de indivíduos de uma população e querem saber as propriedades dessa população. O segundo cenário apresenta uma população pré-definida e o pesquisador deseja saber qual é origem da mesma. Para a resolução dos dois problemas apresentados estimam-se as frequências alélicas para cada população de uma série de *loci* não ligados. A partir das frequências alélicas estimadas é possível computar a probabilidade de um dado genótipo pertencer a uma população de origem .

Estudos sobre fluxo gênico estão totalmente interligados com a interpretação dos princípios evolucionários e a estrutura geográfica das populações. Métodos indiretos podem

inferir o fluxo gênico entre populações a partir de dados genéticos e mensurar a estruturação das mesmas (Bossart & Prowell, 1998). Isso pode acontecer quando o fluxo gênico entre populações é restringido por barreiras geográficas, ecológicas, sociais e biológicas. Um fluxo gênico parcial pode retardar o processo de estruturação (Jin & Chakraborty, 1995; Rosenberg et al., 2002).

I – 3. Análise Estatística

Nos últimos anos, as análises de polimorfismo de microssatélites têm sido utilizadas em diversos estudos de variabilidade genética para verificar a variação genética inter e intrapopulacional, além de determinar a distância ou similaridade genética entre populações.

As análises genético-populacionais mais usadas em estudos para medir a variabilidade genética das populações são: Heterozigosidade, Equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE), análise da variância molecular (AMOVA) e distância genética (Fst).

A heterozigosidade é a proporção de indivíduos que carregam dois alelos diferentes para o mesmo locus dentro de uma população (Ellegren, 2004), uma medida simples da variação na população (Weir, 1996). A heterozigosidade é definida como a chance de retirarmos dois alelos diferentes, se dois genes aleatórios são amostrados da população (para um loco). Se uma população está em Equilíbrio de Hardy-Weinberg, a heterozigosidade (H) é igual à proporção de indivíduos heterozigotos (Ridley, 2006).

O teorema de Hardy-Weinberg depende de três prerrogativas: ausência de seleção, cruzamentos aleatórios e tamanhos populacionais grandes. Na prática, podemos descobrir se uma população está em equilíbrio de Hardy-Weinberg para um loco, simplesmente por meio da contagem das frequências genotípicas. Este princípio estipula que, após uma geração de cruzamento, as frequências genotípicas para um loco com dois alelos, A e a, devem seguir o descrito abaixo:

$$(p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$$

Onde:

- p^2 é a frequência esperada do genótipo AA;

- $2pq$ é a frequência esperada do genótipo Aa;
- q^2 a frequência esperada do genótipo aa.

A partir destas frequências, primeiramente calculamos as frequências gênicas; se as frequências de homozigotos observadas se igualam ao quadrado de suas frequências gênicas, a população está em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Se elas não se igualam, a população não está em equilíbrio (Ridley, 2006).

O Equilíbrio de Hardy-Weinberg pode não se manter em populações reais, mas ele pode apresentar boas aproximações se o tamanho populacional for grande, se os casamentos forem ao acaso, e se não houver uma sobrevivência diferencial de zigotos com um genótipo específico para um determinado locus (Balding, 2006). Se compararmos as frequências genotípicas de uma população real com relações de Hardy-Weinberg, caso elas se desviem, isso sugere que algo interessante (tal como seleção ou ausência de cruzamentos aleatórios) possa estar acontecendo (Ridley, 2006)

Os desvios no HWE são demonstrados através de testes simples de χ^2 entre a heterozigosidade observada (H_o) e esperada (H_e), como demonstrado nos testes de Pearson e Fisher.

A AMOVA (Análise da Variância Molecular) foi inicialmente introduzido como extensão às análises das frequências gênicas e reflete a correlação entre a diversidade entre diferentes níveis de subdivisão. Essas análises fornecem informações sobre a estrutura genética da população (Mickalakis & Excoffier, 1996). O teste é considerado um tratamento interessante para análises estatísticas de dados moleculares e é baseado na variância das frequências alélicas entre populações. Uma das formas de se medir esta variância é através dos F estatísticos descritos por Wright (Excoffier et al, 1992; Bossart & Prowell, 1998).

Os F estatísticos são um método de estatística sumária que descreve as relações entre alelos que são amostrados em diferentes níveis hierárquicos (individual, subpopulacional e na população total) (Hey & Machado, 2003). Os F de Wright descrevem a variação da estrutura genética dentro e entre as populações, e eles estão entre os mais usados na estatística descritiva em genética evolutiva e de populações (Holsinger & Weir, 2009). Seguem a seguinte formula:

$$1 - F_{IT} = (1 - F_{IS}) (1 - F_{ST})$$

Segundo Holsinger & Weir (2009) o F_{ST} é um dos três parâmetros inter-relacionados utilizados para descrever a estrutura genética de populações diploides. Estes parâmetros são: F_{IT} , correlação entre gametas, variabilidade na população total; F_{IS} , correlação entre gametas dentro das subpopulações; e o F_{ST} , que é a correlação entre gametas escolhidos aleatoriamente e vindo da mesma subpopulação dentro da população como um todo, ou seja, e mede a diferenciação genética entre as subpopulações. Os valores de F_{IT} e F_{IS} medem os desvios em relação às proporções de Hardy-Weinberg dentro das subpopulações e na população total e podem apresentar valores positivos (deficiência de heterozigotos) ou negativos (excesso de heterozigotos) (Nei, 1977).

I – 4. Genética Forense

A Genética Forense é a área do conhecimento que trata da utilização dos conhecimentos e das técnicas de genética e de biologia molecular no auxílio à justiça. Apesar de o ramo mais desenvolvido da Genética Forense ser a Identificação Humana pelo DNA e sua aplicação mais popular ser o teste de paternidade, a Genética Forense não se limita a isso, podendo ser aplicada na identificação ou individualização de animais, plantas e microrganismos (Jobling & Gill, 2004).

O teste de paternidade se baseia em princípios básicos da genética: leis de Mendel, recombinação e mutação. Cada indivíduo possui dois alelos para cada loco e os pares diferentes se distribuem independentemente na formação dos gametas. Além disso, durante a formação dos gametas pode haver a recombinação entre os locos e assim surgirem novas combinações alélicas. Outro evento que também aumenta a variabilidade é a mutação que é herdada de forma mendeliana.

Na formação do zigoto metade da informação genética do indivíduo é herdada por sua mãe e a outra metade herdada pelo seu pai. O teste de paternidade consiste em uma comparação entre os alelos encontrados nos filhos e nos supostos pais, onde a presença de alelos paternos no material genético do filho é um indício de paternidade.

Estudos indicam que cerca de 30% dos registros de nascimento feitos no Brasil não têm o nome do pai, o que corresponde a quase um milhão de nascimentos por ano e implica um crescente número de ações de investigação de paternidade/maternidade, por isso a

importância da prova pericial do exame de DNA para fins de determinação do vínculo genético (Ministério Público do Estado de Minas Gerais). O que faz com que o número de solicitações de teste de paternidade seja crescente e possibilite a criação de bancos de dados genéticos com os resultados dos testes.

As análises forenses consistem em cálculos estatísticos da probabilidade das pessoas envolvidas na análise compartilharem as mesmas regiões hipervariáveis do DNA (STR – *short tandem repeat*) ou não. Por exemplo, no teste de paternidade a partir das frequências alélicas dos marcadores analisados na população pode-se calcular qual é a probabilidade de ocorrência do genótipo do filho, dado o do pai e da mãe considerando o processo de herança mendeliana. Sendo assim, é de extrema importância conhecer a estrutura genética das populações que são usadas para realização desses tipos de testes.

I – 5. Banco de Dados Genéticos usados para fins forenses

Estes bancos de dados genéticos foram criados com o propósito de armazenar os perfis genéticos de criminosos. Desta maneira facilitaria o trabalho dos peritos, pois os mesmos poderiam fazer uma comparação do perfil genético encontrado na cena do crime com os perfis armazenados nos bancos. Atualmente este tipo de banco de dados vêm auxiliando nos trabalhos com pessoas desaparecidas.

O laboratório do FBI (*Federal Bureau of Investigation*), nos Estados Unidos da América (EUA), vem desenvolvendo o sistema CODIS (*Combined DNA Index System*) ou Sistema Combinado de Índices de DNA, que combina a Ciência Forense e a Tecnologia da Informática, proporcionando uma ferramenta efetiva para o desenvolvimento da investigação criminal. Tal sistema permite a todos os laboratórios americanos (federais, estaduais e locais) realizarem permutas e comparações dos perfis de DNA eletronicamente, além de possibilitar a interligação dos crimes entre si e dos suspeitos envolvidos (www.fbi.gov).

O CODIS iniciou-se como um projeto-piloto nos EUA em 1990 e inicialmente serviu a 14 estados e laboratórios locais. A Lei Pública 103.322, de 1994, contendo o Ato de Identificação pelo DNA, formalizou a autoridade do FBI em estabelecer para os propósitos legais uma indexação do DNA em nível nacional. Então, em outubro de 1998, o Sistema de

Índice Nacional de DNA do FBI (NDIS - *Nacional DNA Index System*) tornou-se operacional (www.fbi.gov).

De acordo com Butler (2006), com o objetivo de tornar essa comparação de perfis genéticos entre bancos de dados eficaz, foi padronizada uma série de marcadores microssatélites. Essa série começou com 13 marcadores em 1997 e atualmente consta de 15 marcadores que são comercializados em todo o mundo por grandes empresas como a *Promega Corporation* e a *Applied Biosystems*.

O Brasil está discutindo um acordo com o FBI para utilização do sistema CODIS. O sistema já é usado em mais de 30 países. Com ele será possível o Brasil dar o primeiro passo para criação de uma rede integrada de dados de DNA .

I – 6. Parâmetros Forenses

As análises estatísticas são usadas para interpretar os resultados das identificações genéticas. Para tais análises alguns conceitos são levados em consideração e serão discutidos abaixo. Todos os parâmetros são calculados com o objetivo de determinar o quão informativos são marcadores estudados em genética forense.

Os parâmetros forenses são comumente utilizados em estudos com o objetivo de caracterizar as populações para os marcadores utilizados em genética forense (Borosky, 2009; Martínez, 2006; Chula, 2009). Estes dados assim como as frequências alélicas medem a variabilidade populacional e o grau de informatividade de cada marcador. Ambos os parâmetros são calculados com base na distribuição alélica de cada marcador.

A Probabilidade de Correspondência (PC), conhecida como “Matching Probability”, é o número de indivíduos com o mesmo genótipo que podem ser encontrados em uma amostragem aleatória para um dado marcador. A Probabilidade de correspondência para mais de um *locus* é o produto da probabilidade de correspondência de cada *locus*, se os *loci* forem independentes. O Poder de discriminação é $1 - pM$, é exatamente o contrário, é a chance de se encontrar indivíduos com genótipos diferentes (Huston, 1998).

O índice típico de paternidade reflete quantas vezes é mais comum que um indivíduo testado seja considerado pai biológico, do que um indivíduo selecionado randomicamente na população. O cálculo desse parâmetro para um determinado conjunto de marcadores

demonstra o quanto os mesmos são capazes de discriminar o indivíduo que é realmente o pai biológico de outro indivíduo testado. Geralmente um IP típico menor do que 1 é um indicativo de inexistência de parentesco entre os envolvidos (Huston, 1998).

Um dos critérios para avaliar a eficiência dos marcadores genéticos usados em teste de paternidade é o cálculo da probabilidade de exclusão, que nada mais é do que a probabilidade do sistema escolhido ser capaz de excluir um homem falsamente indicado como pai (Cifuentes et al, 2006). Segundo Huston (1998) o Poder de Exclusão, PE, é definido como a fração de indivíduos que possuem um perfil genético que é diferente daquele selecionado randomicamente em um teste de paternidade típico.

Conteúdo da informação polimórfica (PIC) é um indicador de qualidade do marcador em estudos genéticos (segregação, identificação de populações e controle de paternidade). No entanto é um parâmetro que apresenta dependência do número de alelos e suas frequências. Desta forma, a informação que aporta não deve ser utilizada exclusivamente para eleger um marcador ou descartá-lo (Menezes, 2005).

I – 7. Marcadores Microssatélites

Os microssatélites ou “*Short Tandem Repeats* – sequências curtas repetidas em tandem – estão entre os mais variáveis tipos de sequência de DNA no genoma dos eucariotos. A variação genética nos loci microssatélites é caracterizada pela alta heterozigosidade e a presença de múltiplos alelos. Com o advento do PCR no final dos anos 80, análise e genotipagem de polimorfismos de microssatélites ganhou muita força. Microssatélites se tornaram rapidamente os marcadores escolhidos para o mapeamento do genoma e subsequentemente em estudos de genética de populações. (Ellegren, 2004)

A fração do DNA repetitivo é composta de sequências de DNA presentes em mais de uma cópia espalhados por todo o genoma dos eucariotos (Thomson et al, 1999), aproximadamente 3% (Ellegren, 2004). Sequências repetidas em tandem são especializadas para permitir um alinhamento das fitas de DNA mesmo que imperfeito durante o pareamento dos cromossomos e, portanto, permitem que os tamanhos dos blocos possuam número diferentes de repetições o que faz com que esses marcadores sejam altamente polimórficos. Geralmente, as sequências repetidas em tandem são divididas em duas categorias: minissatélites e microssatélites (Menezes, 2005).

Segundo Ellegren (2004), os microssatélites podem ser classificados de acordo com o motivo de repetição, número de bases repetidas, em mono, di, tri, tetra, penta ou hexanucleotídeos; e de acordo com sua estrutura, em três tipos: perfeitos, que contêm um único motivo de repetição n vezes; imperfeitos, que contêm uma sequência não repetitiva intercalada entre as repetições; e os compostos, que estão constituídos por mais de uma sequência repetitiva diferente (Menezes, 2005).

As taxas de mutações em STR's são altas, de uma a duas mutações a cada 1.000 gerações. Os STR's seguem o modelo de mutação "*step-wise mutation model - SMM*" onde a mutação pode acontecer somando ou diminuindo uma sequência repetitiva à sequência herdada do indivíduo (Ellegren, 2004). De fato a mutação nos STR's não é estrita ao modelo SMM porque a taxa de mutação aumenta com o aumento no tamanho do alelo, neste caso mutações de duas ou mais sequências repetitivas são comuns (Balding, 2006).

Os marcadores microssatélites satisfazem os requisitos básicos para a utilização em genética forense: padrão de herança mendeliana, independência (para os marcadores localizados em regiões diferentes do DNA) e suficiente taxa de mutação (Thomson et al, 1999). Além disso, permitem a genotipagem num curto período de tempo, os alelos podem ser classificados em classes discretas e a amplificação é eficaz com as amostras pequenas e degradadas (Cabrero et al, 1995).

Além disso, os microssatélites podem ser analisados em multiplex (reação com vários marcadores na mesma análise) e tipados usando equipamentos automatizados. Os equipamentos são sistemas de eletroforese capilar multi-canal que detecta marcações fluorescentes nos produtos de PCR e ainda possuem um sistema que diminui os erros do operador. Este tipo de sistema reduz custos e aumenta a possibilidade de análises.

I – 8. Biocod Biotecnologia

A Biocod Biotecnologia é um laboratório especializado em análises genéticas com mais de 10 anos de experiência. Para a realização destes testes, a Biocod conta com uma equipe técnica especializada e com mais de 15 anos de experiência, além de equipamentos de última geração.

O teste mais difundido, dentre os vários disponíveis na Biocod, é o teste de paternidade. Mensalmente são realizados aproximadamente 700 casos de investigação de vínculo genético. Devido ao grande número de testes de paternidade, a Biocod conta com um banco de dados genéticos com mais de 40.000 indivíduos, o que possibilita inúmeras análises genéticas.

Teste de Paternidade na Biocod:

Ao chegar no laboratório, todas as amostras são inspecionadas, codificadas e cadastradas no banco de dados. Para cada amostra são cadastrados os seguintes dados: Nome, Endereço, Data e Local de Nascimento e de Coleta, Sexo e Tipo de Exame. São recebidos diariamente três tipos de amostras: sangue coletado em tubos com EDTA, sangue coletado em papel de filtro tipo FTA card (Whatman®) e esfregaço de células da mucosa bucal conservadas em álcool. Em alguns casos mais raros, podem ser recebidas também amostras de vilos coriais, biópsia de tecidos em geral e material exumado.

Para cada tipo de amostra é seguido um protocolo de extração diferente, visando a uma extração de DNA rápida, em concentrações suficientes para análise de qualidade e com um custo reduzido. A extração de sangue coletado em tubo com EDTA e células da mucosa bucal é feita com base em protocolos “salting out”, podendo raramente seguir protocolos que utilizem o fenol-clorofórmio. Já a extração de sangue em FTA card (Whatman®) é simples e baseia-se na lavagem das impurezas do papel deixando o DNA impregnado no mesmo.

Após a obtenção de DNA de qualidade, as amostras são amplificadas através da técnica de PCR-multiplex, onde várias regiões do DNA são amplificadas em uma mesma reação, reduzindo tempo e custo das análises. Para a utilização desta técnica, a Biocod conta com 60 marcadores microssatélites, alguns deles disponibilizados em 4 painéis padronizados no laboratório para as análises.

Rotineiramente são amplificados dois destes painéis, MG2 e MG3, que contam com 18 marcadores microssatélites (tabela 1), mesclando marcadores utilizados em kits comerciais e marcadores pouco ou ainda não utilizados para este fim.

Microssatélites	Painel	Tipo	Tamanho
D2S1338	MG2	Perfeito	165-205
D3S1358	MG2	Perfeito	123-143
D3S2387	MG2	Composto	177-209
D3S2406	MG2	Composto	306-350
D5S2503	MG2	Perfeito	350-390
D5S818	MG2	Imperfeito	120-150
D7S820	MG3	Perfeito	204-240
D9S938	MG2	Perfeito	369-421
D10S1237	MG3	Perfeito	376-432
D12S391	MG2	Imperfeito	211-251
D13S317	MG3	Perfeito	175-199
D16S539	MG3	Perfeito	148-172
D16S753	MG2	Composto	252-276
D21S1437	MG3	Perfeito	119-143
D22S534	MG2	Perfeito	450-515
D22S689	MG2 E MG3	Composto	202-226
SE33	MG3	Composto	197-343
TH01	MG3	Imperfeito	146-190

Tabela 1 – Caracterização dos Marcadores Microssatélites presentes nos dois painéis multiplex de acordo com o tipo e tamanho do produto de PCR. Marcadores em negrito são os presentes em kits comerciais.

As amostras amplificadas são genotipadas por eletroforese capilar em sequenciador MegaBACE 1000 (GE Healthcare) e são analisadas pelo software Fragment Profile v2. 0 (GE Healthcare). (Anexos 1,2,3,4,5 e 6).

O envio de dados genotípicos para o banco de dados no módulo do Laboratório de Paternidade acontece no momento da liberação dos resultados. Para essa liberação é realizada uma conferência dos resultados das genotipagens. Após essa conferência, os marcadores que não apresentaram bons resultados são retirados da análise e não são enviados ao banco de dados, o que justifica um número diferente de indivíduos para cada marcador.

II – Hipótese e Justificativa

O Brasil possui uma população miscigenada com influência de genética e cultural de várias localidades em todo mundo. Cada estado brasileiro sofreu essa influência de maneira diferente, o que pode acarretar em uma formação genética diferenciada de um estado para outro.

Para a realização dos testes de paternidade são utilizadas as frequências dos alelos presentes em cada marcador na população a qual pertencem os indivíduos testados. No caso de populações com constituição genética diferente faz-se necessária a utilização de frequências alélicas diferentes para a elucidação de casos de paternidade, pois um mesmo alelo pode ser muito frequente em uma população, porém raro em outra.

Diante deste cenário, é de extrema importância e utilidade para a genética forense a determinação da estrutura genética das populações. No caso da população brasileira se cada estado ou região do Brasil apresentarem um perfil genético diferente, as análises terão que ser feitas com base de dados diferentes. Por exemplo, se a população do estado do Rio Grande do Sul apresentar um perfil genético diferente da população do Amazonas, um caso de paternidade vindo de cada um deles terá de ser analisado em cima das frequências alélicas de cada estado e não da população brasileira como um todo, aumentando a confiabilidade nos resultados liberados.

Além disso, devido ao fato de as análises forenses serem estatísticas e dependentes do compartilhamento de alelos, que podem ser muito ou pouco frequentes na população, em alguns casos o número de marcadores validados pela comunidade forense não são necessários para a liberação de resultados confiáveis. A caracterização e validação de novos marcadores muito informativos surge como uma boa alternativa para a finalização de perícias mais complexas.

III – Objetivos Gerais

- Caracterizar os marcadores microssatélites utilizados na BIOCOD para realização de testes de paternidade, vínculo genético e identificação genética humana.
- Estudar a estrutura genética da população brasileira utilizando os microssatélites caracterizados previamente, considerando cada estado brasileiro como uma população.

III – 1. Objetivos Específicos

- Calcular as frequências alélicas, taxa de mutação e heterozigosidade para cada marcador;
- Determinar o poder de exclusão, probabilidade de correspondência, poder de discriminação, conteúdo de informação do polimorfismo e índice típico de paternidade dos marcadores.
- Determinar o grau de diferenciação genética entre populações;
- Calcular a heterozigosidade em cada população;
- Analisar a estrutura da variância molecular, quantificando as proporções intra- e inter-populacional.
- Comparar se uma diminuição no número de marcadores com um consequente aumento no número de indivíduos fará diferença nos resultados.

IV - Metodologia

IV – 1. Área de abrangência dos dados

Todos os dados analisados neste trabalho foram obtidos de resultados de testes de verificação de parentesco realizados no laboratório Biocod Biotecnologia no triênio 2007/2008/2009, os que totalizam aproximadamente 39.962 indivíduos (Fig.2). Um subconjunto destes dados é analisado nesta dissertação.

As amostras utilizadas para este tipo de teste provêm de convênios com laboratórios parceiros em todo o país, bem como de licitações de órgãos públicos e coletas particulares no próprio laboratório BIOCOD. O envio das mesmas a partir dos parceiros citados é feito através do serviço de correio.

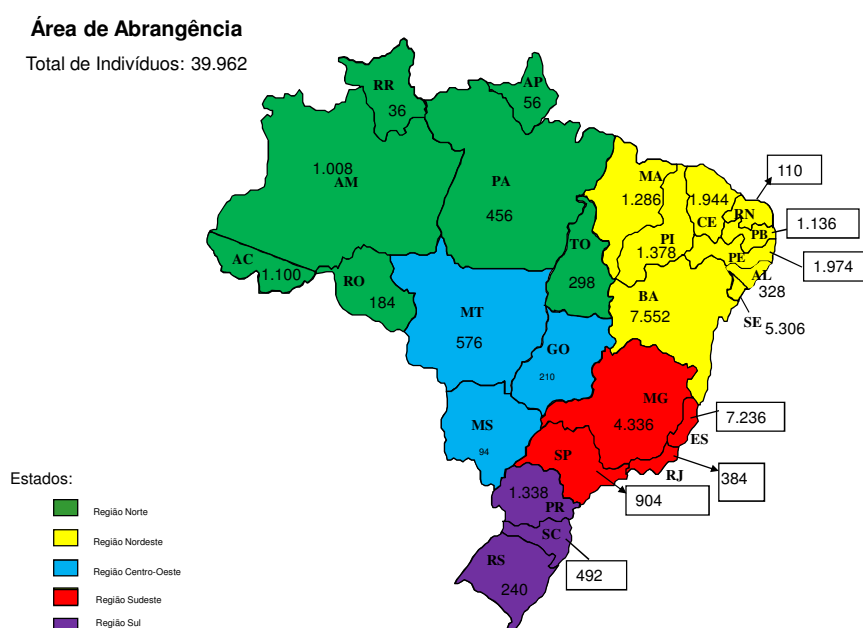


Fig. 1 – área de abrangência das análises e número de indivíduos disponíveis para análise por cada Estado.

Para as análises populacionais foram escolhidos os indivíduos não aparentados.

IV – 2. Banco de dados

Atualmente o grande volume de dados gerados pelos novos métodos de sequenciamento e a necessidade de estudo de um número cada vez maior de indivíduos

impossibilita a utilização de tabelas simples para análises genéticas. A utilização da ferramenta de bancos de dados apresenta inúmeras vantagens para trabalhar com grande volume de dados. A partir de consultas simples (Fig. 3) pode-se extrair qualquer combinação de dados. Essas combinações podem ser feitas de acordo com a pergunta de cada estudo, facilitando o acesso às informações dos estudos e possibilitando novas análises com os mesmos dados de maneira ágil e fácil.

O banco de dados do laboratório Biocod integra todas as áreas da empresa. Cada área da empresa utiliza um módulo do banco. O resultado das genotipagens são armazenadas no módulo utilizado pelo laboratório. Para a extração dos dados a serem utilizados no projeto foram desenvolvidas uma série de consultas de forma a abranger todos os tipos de análises propostas nos objetivos do trabalho.

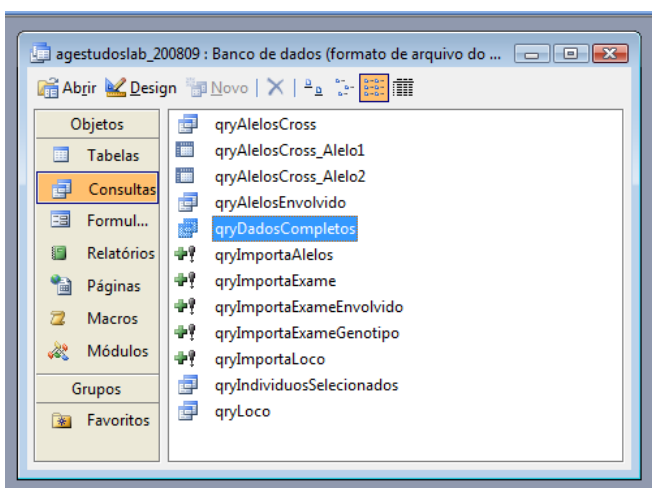


Fig. 2 – Exemplo de consultas realizadas no banco de dados.

As consultas realizadas foram baseadas em cinco tabelas (Fig.4) onde estão os dados cadastrados no momento do recebimento das amostras.

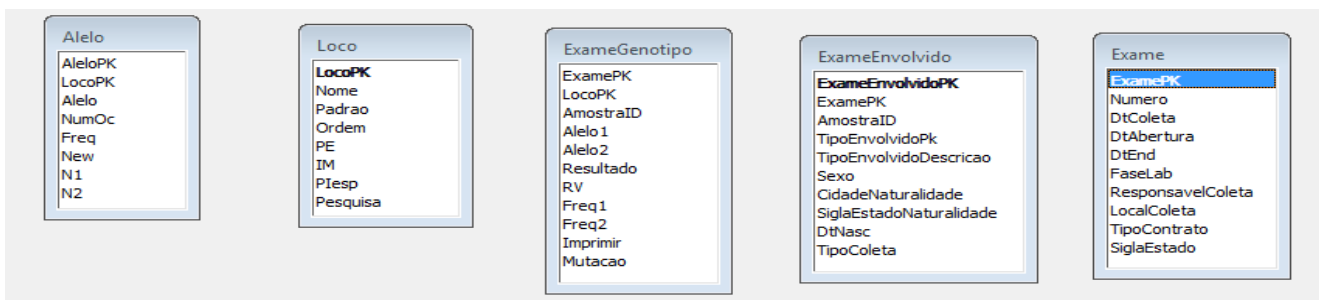


Fig. 3 – Disposição das tabelas com os dados disponíveis no banco para consulta.

IV – 3. Criação do “Input – arquivos de entrada” para os programas

Todos os dados foram extraídos do banco em tabelas no formato Excel. Estas tabelas foram editadas e passaram em seguida pelo programa Convert 3.1, que permite a conversão de seus dados em arquivos de entrada de diferentes softwares amplamente utilizados para análises genéticas populacionais.

IV – 4. Análises genéticas populacionais

O software Powerstats (*promega corporation*) consta de uma planilha em Excel que permite calcular parâmetros forenses como frequência alélica, poder de exclusão, probabilidade de correspondência, poder de discriminação, conteúdo de informação do polimorfismo, índice típico de paternidade, homozigotos e heterozigotos. Neste programa é necessário apenas informar o *locus*, as populações de interesse, os indivíduos e seus genótipos.

Fórmulas:

- Frequências alélicas (P_i): n° de vezes que aparece o alelo “i”/ n° total de alelos do marcador.

- Poder de exclusão (PE):

$$PE = h^2(1-2*h*H^2)$$

onde h é a frequência de heterozigotos e H a de homozigotos.

- Probabilidade de correspondência (PC)

- Poder de discriminação (PD):

$$PD=1-PC.$$

- Conteúdo de informação do polimorfismo (PIC):

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n P_{ij}^2 - \left(\left(\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n P_{ij}^2 \right)^2 + \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n P_{ij}^4 \right)$$

onde i e j são as frequências dos alelos na população n e P_{ij} a frequência dos genótipos

- Índice típico de paternidade (IP):

$$IP = (H+h)/2H.$$

onde h é a frequência de heterozigotos e H a de homozigotos.

- Probabilidade de paternidade (W):

$$W = IP/(IP+1)$$

onde IP é o índice de paternidade.

A taxa de mutação (μ) também será calculada com base nas informações extraídas do banco de dados. Para cada marcador incluído no teste, é observado qual alelo é de origem materna e qual o alelo é de origem paterna, no caso de um não compartilhamento de alelos entre o suposto filho e o pai ou a mãe para um marcador na análise de um caso de inclusão do suposto pai, esse evento é considerado como uma mutação. No momento da conferência e liberação dos resultados é possível marcar quais os marcadores passaram pelo evento genético em cada caso. Desta forma é possível extrair do banco de dados quantas vezes esses eventos foram observados, então a taxa de mutação pode ser calculada de maneira muito simples. Onde,

$\mu = n^{\circ}$ de vezes que foi marcada a mutação de um alelo para outro (independente de ser de mãe ou de pai)/pelo total de vezes que o marcador apareceu na análise.

Ex.: marcador: D3S2387

Nº de vezes que o marcador apareceu em análises: 27.000

Nº de vezes em que apareceram mutações: 30 vezes

$$\mu = 30/27.000 = 0,001 \text{ ou } 1 \times 10^{-3}$$

Para as análises específicas de genética de populações três programas foram utilizados: GDA, Arlequin e Genepop. Todos os programas computam estatística descritiva – testa o equilíbrio de Hardy-Weinberg e o desequilíbrio de ligação, e comparação populacional e estrutura genética – F-estatístico e variância genética. (Excoffier, 2006). Durante as análises o GDA foi retirado das análises devido a uma limitação quanto ao número de indivíduos. **V – Resultados**

V. Resultados

V – 1. Marcadores Microssatélites

Os marcadores escolhidos (tabela X) para este estudo são os marcadores analisados rotineiramente na Biocod. A escolha dos marcadores permite a comparação deste estudo com outros estudos realizados na população brasileira e mundial já que a lista de marcadores (vide tabela 1) conta com marcadores presentes em kits comerciais, padronizados pelo FBI e pelas empresas que comercializam os kits, e marcadores ainda marcadores inéditos em estudos deste tipo ou pouco utilizados.

Na escolha dos marcadores também foram levadas em consideração as informações já colocadas no item Metodologia e bem como a localização cromossômica dos marcadores microssatélites escolhidos para realização deste trabalho. Eles foram escolhidos na tentativa de varrer o maior número possível de cromossomos para que problemas como alterações cromossômicas individuais não alterem os resultados dos testes. Por exemplo, uma pessoa com Síndrome de Down pode apresentar três alelos em marcadores localizados no cromossomo 21 o que dificulta a análise de quais alelos foram herdados do pai e da mãe.

Marcador	Número de Indivíduos
D10S1237	19.066
D12S391	31.583
D16S539	17.043
D16S753	21.295
D21S1437	26.152
D22S534	25.611
D22S689	15.129
D2S1338	30.946
D3S1358	29.815
D3S2387	21.132
D3S2406	24.944
D5S2503	28.544
D5S818	14.663
D7S820	32.612
D9S938	26.048
SE33	29.701
TH01	28.346

Tabela 2 – Número de indivíduos disponíveis para cada marcador escolhido

V – 2. Banco de dados

Após a utilização exaustiva do banco de dados foi criada uma consulta (Anexo 1) e dela extraída uma tabela única com todos os dados a serem utilizados nas análises.

Na tabela extraída (Fig. 7) constam os seguintes dados: Indivíduo, Cidade Naturalidade, Sigla Estado Naturalidade, Tipo de Coleta, Estado Parceiro, Tipo de Contrato e Genótipo para os marcadores escolhidos.

Fig. 4 – Imagem da tabela final extraída do banco, com todos os dados necessários às análises.

A partir dessa tabela, os seguintes dados foram disponibilizados (Tabela 2).

Os dados foram divididos em quatro conjuntos diferentes (Tabela 3) e estes subdivididos de acordo com os estados brasileiros (Anexo 8): Dados 1 - todos os indivíduos não aparentados com no mínimo 15 marcadores; Dados 2 - todos os indivíduos não aparentados com no mínimo 12 marcadores dentre os 15 mais comuns; Dados 3 - todos os indivíduos não aparentados com no mínimo 15 marcadores e com informação de cidade e estado naturalidade; e Dados 4 - Todos os indivíduos não aparentados com no mínimo 12 marcadores dentre os 15 mais comuns e com informação de cidade e estado naturalidade.

	Dados 1	Dados 2	Dados 3	Dados 4
Total	11.241	21.802	3.251	7.095
Características	15 marcadores	12 marcadores dos 15 mais comuns	15 marcadores Cidade Naturalidade	12 marcadores dos 15 mais comuns Cidade Naturalidade
	-	-		

Tabela 3 – Distribuição do número de indivíduos de acordo com os conjuntos de dados pré-definidos.

Para as análises populacionais, apenas dois dos quatro conjuntos foram utilizados: o conjunto de dados 1 e 2, que possuem um maior número de indivíduos, o que minimiza os problemas com o tamanho amostral (n) e ainda permite fazer uma análise diferenciada de acordo com o número de marcadores e em diferentes estados brasileiros. Os conjuntos de dados 3 e 4 foram excluídos devido ao n ser pequeno para a maioria dos estados brasileiros.

V – 3. Criação do “Input – arquivos de entrada” para os programas

Os “inputs” foram criados no Convert 3.1. Cada arquivo de entrada no programa gerou 4 arquivos de saída: um arquivo para o GDA, um para o Arlequin, um para o Genepop e um com frequências alélicas. Os arquivos foram gerados a partir dos conjuntos de dados extraídos do Banco de Dados da Biocod, cada arquivo foi dividido em 26 populações diferentes e cada população representada por um estado brasileiro.

V – 4. Parâmetros Forenses

Para cada marcador estudado foram calculados alguns parâmetros usados rotineiramente em análises forenses: probabilidade de correspondência (PC), poder de discriminação (PD), informação do conteúdo polimórfico (PIC) e poder de exclusão (PE) (tabela 4); e índice típico de paternidade, frequência alélica (Anexo 8 e 9) e a taxa de mutação. Tais parâmetros vão medir o quão informativos esses marcadores são para estudos forenses e populacionais.

Os primeiros parâmetros Probabilidade de Correspondência (PC) e Poder de Discriminação (PD) são antagônicos e complementares, o PC é a chance de se encontrarem duas pessoas com o mesmo genótipo para um dado marcador e o PD é a chance de se encontrarem indivíduos com genótipos diferentes para um marcador. O valor de PC é dependente da soma da frequência dos heterozigotos. Essa frequência varia de acordo com o número de alelos, quanto mais alelos, maior o número de heterozigotos e menor a frequência de um determinado heterozigoto. O PD é 1-PC. No geral, os dois painéis juntos apresentaram um poder de discriminação médio de 0,933, o SE33 foi o marcador que apresentou o melhor resultado 0,989 e o D22S534 o pior resultado 0,864. Os PCs e PDs apresentam uma variação pequena de uma população para outra. O desvio padrão mais alto observado entre populações

foi o do marcador D22S534 que apresenta os piores valores de PC e PD. Além disso, vale ressaltar que as populações que apresentam os melhores valores são aquelas com um N mais alto e as piores com o N mais baixo. (Anexo 4 e 6).

	PC		PIC		PD		PE	
	Média	Desvio Padrão	Média	Desvio Padrão	Média	Desvio Padrão	Média	Desvio Padrão
D2S1338	0,030	0,004	0,868	0,008	0,970	0,004	0,689	0,046
D3S1358	0,094	0,013	0,729	0,018	0,906	0,013	0,499	0,056
D3S2387	0,027	0,006	0,881	0,012	0,973	0,006	0,695	0,052
D3S2406	0,023	0,004	0,895	0,006	0,977	0,004	0,657	0,057
D5S818	0,114	0,009	0,690	0,013	0,886	0,009	0,452	0,047
D5S2503	0,095	0,013	0,725	0,016	0,905	0,013	0,506	0,053
D7S820	0,073	0,007	0,767	0,010	0,927	0,007	0,571	0,046
D9S938	0,068	0,009	0,777	0,012	0,932	0,009	0,581	0,061
D10S1237	0,045	0,009	0,830	0,019	0,955	0,009	0,558	0,054
D12S391	0,036	0,005	0,854	0,012	0,964	0,005	0,715	0,055
D13S317	0,076	0,010	0,756	0,018	0,924	0,010	0,540	0,053
D16S539	0,081	0,009	0,763	0,011	0,919	0,009	0,495	0,065
D16S753	0,065	0,008	0,784	0,016	0,935	0,008	0,577	0,067
D21S1437	0,063	0,013	0,797	0,021	0,937	0,013	0,613	0,054
D22S534	0,136	0,018	0,654	0,025	0,864	0,018	0,344	0,063
D22S689	0,089	0,014	0,737	0,021	0,911	0,014	0,443	0,047
SE33	0,011	0,004	0,936	0,005	0,989	0,004	0,825	0,045
TH01	0,079	0,006	0,758	0,010	0,921	0,006	0,559	0,060

Tabela 4 – Parâmetros forenses calculados para cada microssatélite em todas as populações. PC – Probabilidade de correspondência; PIC – informação polimórfica contida em cada marcador; PD – Poder de discriminação; e PE – Poder de exclusão.

O Terceiro parâmetro calculado foi o PIC (*polymorfims information content*) que demonstra a informação polimórfica contida em cada marcador. Os resultados observados confirmam o demonstrado nos parâmetros anteriores, o SE33 é que apresenta um maior

polimorfismo e D22S534 o menor. A variação entre as populações continua sendo pequena, só que no caso o N não contribui muito para essa variação, já que populações com N alto mostram valores baixos de PIC, por exemplo, para o D13S317 a população com menor PIC é a da Bahia que o possui o N mais alto. (ver tabela PIC anexa).

O Poder de Exclusão (PE) refere-se à probabilidade de um sistema excluir um homem que não é realmente o pai biológico de uma criança testada (Borosky et al, 2009). O painel MG2 possui um PE médio de 0,571 e o MG3 de 0,559, em uma análise conjunta dos painéis o PE médio passa a ser 0,573. Quando a análise é realizada por marcador segue-se o mesmo resultado dos parâmetros anteriores SE33 com o maior PE (0,825) e o D22S534 com o menor (0,344). A variação entre as populações é maior para esse parâmetro, provavelmente pelo fato de os cálculos serem baseados na proporção de homozigotos e heterozigotos observados em cada população.

Os dois painéis analisados apresentam um Índice Combinado Típico de Paternidade de 41.625.175 o que significa uma Probabilidade de Paternidade de 99,99999%. Atualmente os laboratórios que realizam testes de Verificação de Parentesco trabalham com uma Probabilidade de Paternidade de no mínimo 99,999%. Sendo assim os painéis utilizados neste estudo apresentam índices melhores que os preconizados.

Além dos parâmetros descritos acima foi calculada a taxa de mutação para cada marcador (Tabela 5). Os valores da taxa de mutação seguem em parte os valores observados nos outros parâmetros. O SE33 é o marcador com a taxa mais alta, porém o marcador com a menor taxa é o TH01 e não o D22S534 como vinha sendo encontrado nos demais parâmetros. Os marcadores microssatélites possuem uma taxa de mutação média de $7,41 \times 10^{-4}$.

Marcador	Taxa de Mutação
D2S1338	4×10^{-4}
D3S1358	$4,66 \times 10^{-4}$
D3S2387	$1,17 \times 10^{-3}$
D3S2406	$1,31 \times 10^{-3}$
D5S818	$8,06 \times 10^{-4}$
D5S2503	$7,22 \times 10^{-4}$
D7S820	$3,54 \times 10^{-4}$
D9S938	$1,9 \times 10^{-4}$
D10S1237	$8,22 \times 10^{-4}$
D12S391	$1,24 \times 10^{-3}$
D13S317	$5,48 \times 10^{-4}$
D16S539	$5,83 \times 10^{-4}$
D16S753	$7,54 \times 10^{-4}$
D21S1437	$3,08 \times 10^{-4}$
D22S534	$4,67 \times 10^{-4}$
D22S689	$4,76 \times 10^{-4}$
SE33	$2,68 \times 10^{-3}$
TH01	$5,2 \times 10^{-5}$

Tabela 5 – Representação da taxa de mutação de cada um dos marcadores utilizados nas análises.

V – 5. Análises Populacionais

Todas as análises populacionais foram realizadas para os dois conjuntos de dados escolhidos. Os resultados observados foram comparados com o propósito de verificar se a diminuição no número de marcadores analisados e aumento do N fariam diferença nas análises populacionais.

Nas Análises da Variância Molecular, que são dependentes das frequências alélicas, estas são baseadas na análise da variância das frequências entre os grupos. Para esta análise, as populações foram divididas em cinco grupos de acordo com as regiões do Brasil, entre as populações e dentro dos grupos, e por último dentro das populações. Os componentes dessa variância são os índices de fixação introduzidos por Wright (1951), onde todas as análises são baseadas nas diferenças genéticas entre populações diferentes e dentro das mesmas populações. Os resultados são demonstrados a partir dos dados da soma dos quadrados, componentes de variação e percentual de variação que são baseados nas estatísticas de F de Wright. Observou-se que a variância é muito maior dentro das populações do que entre elas ou entre os grupos. Com esse resultado, entende-se que os marcadores analisados são muito polimórficos e que as frequências alélicas são muito parecidas entre populações. Outra observação importante de ressaltar é que a variância genética se comporta da mesma maneira

para os dois conjuntos de dados analisados, como um percentual de variação genética de 99,86971 para o Conjunto de Dados 1 (tabela 6) e 99,85769 para o Dados 2 (Tabela 7). Devido à análise adicional entre as regiões brasileiras outros índices de fixação puderam ser apurados, o F_{CT} que mede a variabilidade entre os grupos. Os valores de F_{CT} gerais (Tabela 7) foram baixos tanto para o Conjunto de Dados 1, 0,00069, quanto para o Conjunto de Dados 2, 0,00070.

Fonte de Variação	Soma dos Quadrados	Componente da Variância	Percentual de Variação	Graus de Liberdade
Entre grupos	108,107	0,00448	0,06897	4
Entre populações dentro dos grupos	205,312	0,00529	0,08148	21
Dentro de populações	129.472,31	6,47924	99,84955	22.000
Total	129785,731	6,489		

Tabela 6 – análise da variância molecular para o Conjunto de Dados 1 entre os grupos (regiões brasileiras), entre as populações (cada estado brasileiro) dentro de cada grupo e dentro das populações.

Fonte de Variação	Soma dos Quadrados	Componente da Variância	Percentual de Variação	Graus de Liberdade
Entre grupos	176,874	0,00436	0,07004	4
Entre populações dentro dos grupos	274,962	0,0058	0,09319	21
Dentro de populações	240.477,61	6,20947	99,83677	40.000
Total	240929,445	6,21963		

Tabela 7 – análise da variância molecular para o Conjunto de Dados 2 entre os grupos (regiões brasileiras), entre as populações (cada estado brasileiro) dentro de cada grupo e dentro das populações.

Ainda nas análises da variância molecular foram calculadas as estatísticas de F que medem os desvios das frequências genotípicas em populações subdivididas. Wright (1951) introduziu o coeficiente F_{ST} , mas conhecido como θ em aplicações forenses, o qual é interpretado como uma medida do progresso das populações em direção à fixação. O valor de $\theta = 1$ implica que os alelos estão fixados e que existem alelos diferentes em populações diferentes. Ao contrário, $\theta = 0$ significa que os alelos estão na mesma proporção nas mesmas populações, ou seja, as populações são homogêneas (Balding, 2006). O F_{ST} tem conexão matemática direta com a heterozigiosidade (H), e como os valores de H são altos para as

populações, presume-se que os valores de F_{ST} serão baixos (Wang et al, 2007). Os resultados do F_{ST} (subdivisão geográfica) mostram valores muito baixos (Tabela 6), o que não é significativo, e demonstram que não existe estruturação entre as populações estudadas. Este fato sugere que as frequências genótípicas são muito parecidas e que um aumento no número de indivíduos não fez diferença nos resultados.

Conjunto de Dados 1						
Marcador	F_{SC}	P	F_{ST}	P	F_{CT}	P
D10S1237	-	-	-	-	-	-
D12S391	0.00132	0.00000	0.00130	0.00000	-0.00002	0.45357
D13S317	0.00116	0.00000	0.00156	0.00000	0.00040	0.22483
D16S539	0.00010	0.41251	0.00075	0.04203	0.00065	0.02737
D16S753	0.00033	0.09873	0.00110	0.00000	0.00077	0.01271
D21S1437	0.00054	0.00880	0.00200	0.00000	0.00146	0.01369
D22S534	0.00146	0.00098	0.00167	0.00000	0.00022	0.42913
D22S689	0.00028	0.16520	0.00011	0.28935	-0.00016	0.92766
D2S1338	0.00078	0.00000	0.00095	0.00000	0.00017	0.19648
D3S1358	0.00034	0.09580	0.00120	0.00000	0.00086	0.04497
D3S2387	0.00096	0.00000	0.00159	0.00000	0.00063	0.04203
D3S2406	-	-	-	-	-	-
D5S2503	0.00026	0.17791	0.00074	0.00391	0.00049	0.12512
D5S818	0.00106	0.00978	0.00150	0.00098	0.00043	0.15836
D7S820	0.00065	0.00684	0.00131	0.00000	0.00066	0.05865
D9S938	0.00247	0.00000	0.00470	0.00000	0.00223	0.05279
SE33	0.00039	0.00293	0.00037	0.00000	-0.00002	0.56696
TH01	0.00098	0.00000	0.00337	0.00000	0.00239	0.00587

Conjunto de Dados 2						
Marcador	F_{SC}	P	F_{ST}	P	F_{CT}	P
D10S1237	0.00073	0.00000	0.00109	0.00000	0.00036	0.12414
D12S391	0.00097	0.00000	0.00124	0.00000	0.00027	0.21212
D13S317	0.00122	0.00000	0.00209	0.00000	0.00087	0.05083
D16S539	-	-	-	-	-	-
D16S753	0.00053	0.00000	0.00098	0.00000	0.00045	0.04790
D21S1437	0.00076	0.00000	0.00197	0.00000	0.00121	0.00489
D22S534	0.00182	0.00000	0.00211	0.00000	0.00030	0.32063
D22S689	-	-	-	-	-	-
D2S1338	0.00069	0.00000	0.00083	0.00000	0.00014	0.18671
D3S1358	0.00056	0.00000	0.00133	0.00000	0.00077	0.04594
D3S2387	0.00089	0.00000	0.00153	0.00000	0.00063	0.03715
D3S2406	0.00061	0.00000	0.00093	0.00000	0.00032	0.03910
D5S2503	0.00056	0.00000	0.00115	0.00000	0.00059	0.02151
D5S818	-	-	-	-	-	-
D7S820	0.00097	0.00000	0.00137	0.00000	0.00040	0.10948
D9S938	0.00223	0.00000	0.00516	0.00000	0.00293	0.02346
SE33	0.00034	0.00000	0.00030	0.00000	-0.00004	0.69208
TH01	0.00136	0.00000	0.00290	0.00000	0.00154	0.01760

Tabela 8 – Estatísticas de F para os dois conjuntos de dados, calculados pelo Arlequin na análise de AMOVA, para cada marcador.

Seguindo as análises de variância molecular e estatísticas de F, os valores de F_{IS} também foram calculados (Anexo 2 e 3). O F_{IS} mede os desvios das populações em relação ao equilíbrio de Hardy-Weinberg. Os valores F_{IS} não são significativos, o que significa que não há deficiência de heterozigotos e que as populações estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg (Tabela 8).

População	F_{IS} Médio	P
Acre	0,0097	0,5743
Alagoas	0,1246	0,5063
Amazonas	0,0054	0,3506
Amapá	0,0263	0,7821
Bahia	0,0268	0,2878
Ceará	0,0123	0,3771
Espírito Santo	0,0113	0,2864
Goiás	0,0035	0,5698
Maranhão	0,0046	0,4682
Minas Gerais	0,0106	0,2860
Mato Grosso do Sul	0,0064	0,6370
Mato Grosso	0,0244	0,3874
Pará	0,0333	0,4192
Paraíba	0,0094	0,5048
Pernambuco	0,0105	0,3858
Piauí	0,0196	0,4116
Paraná	0,0169	0,4369
Rio de Janeiro	0,0505	0,4842
Rio Grande do Norte	-0,1111	0,7442
Rondônia	0,0405	0,4624
Roraima	-0,0326	0,6662
Rio Grande do Sul	0,0082	0,4368
Santa Catarina	0,0053	0,43
Sergipe	0,0092	0,2603
São Paulo	0,0115	0,4066
Tocantins	0,0151	0,5328

Tabela 9 – Valores de F_{IS} (W&C) em cada população analisada.

Todos os marcadores, em todas as populações dos dois conjuntos de dados, foram testados quanto ao equilíbrio de Hardy-Weinberg. Todos os marcadores que possuem um valor de $P > 0,05$ estão dentro do equilíbrio e os marcadores cujos valores forem inferior a 0,05 apresentam desvios em relação ao equilíbrio. No intuito de deixar as análises mais conservativas foi usada a correção de Bonferroni, onde o valor de alfa 0,05 foi dividido pelo número de combinações, para os dois conjuntos de dados: dados 1 – $P > 0,0028$ e dados 2 –

$P > 0,0033$. No Dados 1 quatro populações apresentaram desvios em relação ao equilíbrio de Hardy-Weinberg, o que pode ser constatado pelos baixos valores de P para alguns marcadores em cada uma dessas populações: Alagoas – D21S1437 ($P=0,00198$); Ceará – D5S818 ($P=0,00012$); Paraná – D3S2387 ($P=0,00000$); e Sergipe – D16S539 ($P=0,0016$) e SE33 ($P=0,00000$). Já para Dados 2, cujo N é maior, outras quatro populações apresentaram desvios em relação ao HWE, fato este demonstrado pelos baixos de valores de P para alguns marcadores em cada uma dessas populações: Bahia – D16S753 ($P=0,00000$), D3S2387 ($P=0,00041$), D7S820 ($P=0,00026$) e SE33 ($P=0,00000$); Espírito Santo – D2S1338 ($P=0,0004$) e D3S2387 ($P=0,00038$); Minas Gerais – D10S1237 ($P=0,00000$) e D3S2387 ($P=0,00000$); e Sergipe – D13S317 ($P=0,00101$) e D22S534 ($P=0,00074$).

A tabela 9 mostra os valores de Heterozigosidade Observada (H_o) e Esperada (H_e) média para cada população. Segundo Menezes (2005), um marcador é considerado altamente informativo quando apresenta uma heterozigosidade maior que 70%. Nos dois conjuntos de dados os valores de H são maiores que 70%. Para o conjunto de dados 1, a população do Rio Grande do Norte mostrou o maior valor de H_o e Amapá o maior de H_e , já para o conjunto de dados 2, o Amapá mostrou os maiores valores de H_o e H_e .

	Dados 1		Dados 2	
	H_o	H_e	H_o	H_e
Acre	0.81054	0.81793	0.81647	0.82686
Alagoas	0.72081	0.80101	0.81524	0.82865
Amazonas	0.80422	0.80788	0.81134	0.81811
Amapá	0.85278	0.86689	0.84034	0.83693
Bahia	0.80759	0.82023	0.81571	0.82903
Ceará	0.80548	0.81522	0.81237	0.82608
Espirito Santo	0.80947	0.81862	0.81774	0.82903
Goiás	0.81428	0.81721	0.82038	0.82768
Maranhão	0.81087	0.81465	0.82090	0.82658
Minas Gerais	0.80890	0.81777	0.81491	0.82771
Mato Grosso do Sul	0.80939	0.81410	0.82777	0.82864
Mato Grosso	0.79681	0.81734	0.80975	0.82511
Pará	0.80448	0.81824	0.82741	0.83302
Paraíba	0.80565	0.81341	0.81597	0.82459
Pernambuco	0.80941	0.81766	0.82087	0.82965
Piauí	0.80624	0.81507	0.81937	0.82658
Paraná	0.79851	0.81210	0.81331	0.82428
Rio de Janeiro	0.77531	0.81688	0.79503	0.82107
Rio Grande do Norte	0.87500	0.83333	0.83243	0.82244
Rondônia	0.78736	0.81777	0.81642	0.83048
Roraima	0.83333	0.81043	0.83049	0.81718
Rio Grande do Sul	0.80904	0.81725	0.81101	0.81860
Santa Catarina	0.80774	0.81257	0.81755	0.82385
Sergipe	0.81165	0.81914	0.82170	0.83085
São Paulo	0.80783	0.81671	0.82549	0.82692
Tocantins	0.79759	0.80938	0.82823	0.82513

Tabela 10 – Heterozigosidade Observada (H_o) e Esperada (H_e) para cada população, comparando o conjunto de dados 1 com o conjunto de dados 2.

VI - Discussão

VI – 1. Marcadores Microssatélites

A eletroforese capilar dos produtos das reações de PCR-Multiplex permite a análise automatizada de vários STR's ao mesmo tempo, o que melhora a sensibilidade e permite o trabalho com amostras com uma concentração pequena de DNA e/ou contaminantes que podem dificultar as análises (Thomson et al, 1999). Este foi um dos motivos que fez com que os STR's fossem amplamente utilizados em análises forenses.

Os dois sistemas utilizados neste estudo foram montados mesclando microssatélites padronizados pelo CODIS, os quais possuem um número grande de informações e estudos em todo o mundo, e marcadores ainda pouco ou nada conhecidos. A opção de utilizar alguns marcadores do sistema CODIS aconteceu devido a um projeto de lei que está em trâmite no Congresso Nacional, onde todos os laboratórios que realizam teste de verificação de parentesco vão ter que utilizar um número mínimo de marcadores deste sistema. (Ministério Público do Estado de Minas Gerais).

A vantagem da utilização de marcadores ainda pouco conhecidos é a ampliação do número de marcadores validados para utilização em genética forense. A genética forense se baseia na variabilidade genética dos envolvidos, e como todos os testes são realizados a partir das frequências alélicas nas populações, quanto mais marcadores forem estudados, mais marcadores com frequências alélicas conhecidas disponíveis. A maior parte desses estudos é realizada com marcadores disponíveis em kits comerciais que geralmente se baseiam em marcadores do sistema CODIS (Asamura et al, 2008). Os kits possuem as vantagens de serem previamente padronizados, apresentarem garantia de qualidade e amplo conhecimento dos marcadores, e as desvantagens de terem um número máximo de marcadores e apresentarem alto custo. Muitas vezes, durante a análise de alguns testes, o número de marcadores analisados é insuficiente para liberação de um laudo, pelo fato de os envolvidos compartilharem alelos muito frequentes na população. A avaliação de novos marcadores não ligados ao sistema CODIS é uma importante ferramenta para obter informações adicionais e complementares às análises convencionais nos casos mais complexos, como paternidades onde o suposto pai não está presente e existe a necessidade de testar os parentes do mesmo

para reconstruir o seu perfil genético, irmandades e casos onde o suposto pai não está presente (Becker et al, 2007; Asamura et al, 2008).

VI – 2. Parâmetros Forenses

O conhecimento das frequências alélicas e dos parâmetros calculados neste estudo é muito importante para os estudos forenses. Com isso inúmeros estudos foram realizados para diversas populações, com o objetivo de definir o perfil de cada população para um determinado conjunto de marcadores e minimizar os problemas que as análises forenses podem apresentar, além de caracterizar cada marcador presente neste conjunto.

Neste estudo os tamanhos amostrais variaram bastante devido ao fato de o mesmo ter sido realizado com dados extraídos de um banco de dados de um laboratório privado, que tem uma participação diferente no mercado de exames de paternidade nos diferentes estados brasileiros. O número de indivíduos para análise deste estudo variou desde 2 indivíduos no Rio Grande do Norte a 5431 na Bahia. Durante as análises, podemos observar que as populações com o N muito baixo apresentaram resultados discrepantes em relação a outras com um N mediano (aproximadamente 100 indivíduos). Segundo Menezes (2005), a amostra ideal de cada população deve conter de 30 a 60 indivíduos. No intuito de deixar o estudo mais conservador, todas as populações com número de indivíduos (N) pequeno (menor que 100) foram excluídas das análises.

Após excluir os estados com tamanhos amostrais muito baixos podemos observar que a variação de uma população para outra é muito pequena. Em todos os parâmetros analisados o desvio padrão encontrado entre as populações apresentou valores muito baixos, variando de 0,004 para o poder de discriminação até 0,067 para o poder de exclusão. Este último apresentou desvios mais altos em todos os marcadores, mas ainda assim no contexto geral, apresentou uma variação pequena entre populações. Em estudos já realizados com populações brasileiras de diferentes tamanhos, variando entre 208 indivíduos (Silva et al, 2004) e 12.000 indivíduos (Del Castillo et al, 2009), para marcadores utilizados em genética forense podemos observar também uma variação pequena entre uma população e outra.

A pequena variação entre o poder de discriminação médio para diferentes populações brasileiras pode ser confirmada pelos vários estudos já realizados. Apesar da variação no número de marcadores analisados no mínimo 13 e no máximo 18, o PD médio ficou entre

0,923 de um estudo com a população brasileira como um todo (Grattapaglia et al, 2001) e 0,946 com populações do sul do Brasil (Rodenbush et al, 2009). O valor médio de PD encontrado no nosso estudo (0,933) é o mesmo encontrado em populações amazônicas (Rodrigues et al, 2007).

Analisando os valores de PD acima da média, podemos observar que os marcadores mais informativos são: D16S753 (0,935), D21S1437 (0,937), D10S1237 (0,955), D12S391 (0,964), D2S1338 (0,970), D3S2387 (0,973), D3S2406 (0,977) e SE33 (0,989). Vale ressaltar que todos os marcadores acima não pertencem ao sistema CODIS e alguns deles (D16S753, D3S2387 e D3S2406) não estão presentes em nenhum estudo deste tipo. Em todos os estudos com populações brasileiras, os marcadores analisados por nós em comum com o sistema CODIS apresentaram valores de PD abaixo da média (Dellalibera et al, 2004; Chula et al, 2009). No estudo com o maior valor médio de PD (Rodenbusch et al, 2009), os marcadores que apresentaram resultados acima da média foram o D2S1338 (0,970), SE33 (0,991), FGA (0,969), D21S11 (0,953) e D18S51 (0,971); dos cinco marcadores com melhores resultados, os três últimos pertencem ao sistema CODIS.

O poder de exclusão é um dos parâmetros mais estudados em todas as populações. Em nosso estudo, observamos um poder de exclusão do painel MG2 igual a 0,571 e o MG3 igual a 0,559 que são os menores dentre os valores de outros estudos com populações brasileiras. Nesses estudos, o menor valor encontrado foi de 0,576 para população do estado de Santa Catarina (Ocampos et al, 2009) e o maior 0,619 para o estudo com toda a população brasileira (Grattapaglia et al, 2001). Mesmo apresentando o valor médio mais baixo em comparação com os valores encontrados nos outros estudos, realizados com o painel do CODIS, não apresentou resultados muito discrepantes. Isso acontece devido ao fato de que os painéis são compostos de marcadores com valores de PE baixo e valores de PE altos que, combinados, fazem com que o PE do painel caia.

Dentre os 18 marcadores estudados, nove apresentaram valores altos de PE. Desses nove, apenas um (D7S820) pertence ao sistema CODIS e estão incluídos os três marcadores inéditos. Em relação aos valores de PE podemos observar nos estudos anteriores (Fridman et al, 2008) que os marcadores do sistema CODIS apresentaram resultados melhores em relação ao PE. Os valores mais baixos de PE são: D22S534 (0,344), D22S689 (0,443), D5S818 (0,452), D16S539 (0,495) e D3S1358 (0,499). Os três últimos marcadores pertencem ao sistema CODIS, e os resultados condizem com estudos anteriores onde os marcadores

também apresentaram valores baixos de PE. Os outros dois marcadores são ainda pouco estudados.

Outro parâmetro analisado foi a informação polimórfica contida em cada marcador (PIC) que não é tão utilizado em estudos dessa natureza quanto os dois parâmetros discutidos anteriormente. Neste estudo podemos comparar o valor de PIC de seis marcadores (D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D13S317, D16S539 e TH01) com estudos realizados com a população brasileira. Em todos os estudos (Fridman et al, 2008), os valores encontrados são semelhantes ao encontrado no nosso estudo. Para este parâmetro podemos observar novamente que os marcadores que não pertencem ao sistema CODIS apresentaram os valores acima da média. Ex.: D3S2387 (0,881), D3S2406 (0,895) e SE33 (0,936).

Além das comparações realizadas com estudos baseados na população brasileira comparamos os resultados desses parâmetros com estudos de populações europeias (Egyed et al, 2006; Grubwieser et al, 2007), asiática (Shin et al, 2004; Krithika et al, 2005; Shi et al, 2008) e sul-americana (Martínez et al, 2006; Sánchez-Diz et al, 2009). Podemos observar que os parâmetros apresentam resultados semelhantes para todos os marcadores que podemos comparar e que os marcadores como D16S753 e D3S2387 pertencentes ao painel MG2, que apresentam valores altos, mostram resultados semelhantes ao D18S51 e FGA. São marcadores do sistema CODIS não incluídos neste estudo com valores altos para todos os parâmetros analisados.

Analisamos também o índice típico de Paternidade (IP), que demonstra a probabilidade típica de paternidade para os casos onde o conjunto de marcadores escolhidos for analisado. Este parâmetro serve apenas para se ter uma noção do resultado, já que este tipo de teste é baseado nas frequências dos alelos compartilhados entre suposto pai e filho na população. Para tal parâmetro o número de marcadores analisados e a união de marcadores muito informativos fazem diferença no resultado. Em nosso estudo encontramos um IP de 41.625.175 analisando 18 marcadores onde nove são muito informativos para estudos forenses. Em outro estudo com população brasileira (Fridman et al, 2008), foram analisados 15 marcadores, com aproximadamente seis informativos e o IP foi de 1.612.525, valor ainda considerado dentro dos padrões legais para liberação de laudos de paternidade. Um terceiro estudo com a população de Pernambuco (Dellalibera et al, 2004) e análise de 13 marcadores onde apenas três são muito informativos o IP encontrado foi 118.921, o que foge dos padrões

estabelecidos atualmente para liberação de laudos de paternidade com qualidade de resultados.

O último parâmetro estudado de interesse forense foi a taxa de mutação para cada marcador. Nessa análise, é importante colocar que não houve uma separação entre a taxa de mutação materna e paterna, os valores encontrados são de uma taxa de mutação geral para cada marcador. A maior parte das mutações encontradas segue o modelo “stepwise” (Jin & Chakraborty, 1995), ou seja, são de um motivo de repetição de diferença entre o filho e o pai ou o filho e a mãe, mas, em casos raros, podemos observar mutações de dois motivos de repetição em relação a um dos parentes. De acordo com estudos anteriores (Leopoldino & Pena, 2002; Becker et al, 2007) que abordam o cálculo da taxa de mutação para marcadores microssatélites, esta taxa varia da ordem de 10^{-2} a 10^{-4} . No nosso estudo, a taxa de mutação variou entre 10^{-3} a 10^{-5} , o SE33 foi que apresentou a taxa mais alta e o TH01 a taxa mais baixa, o único marcador que apresentou uma taxa de mutação na ordem de 10^{-5} .

Outro dado que não pode ser esquecido na discussão sobre a taxa de mutação é o fato de muitas vezes a presença de alelos nulos levarem a uma falsa exclusão ou ainda mascarar a uma mutação (Leopoldino & Pena, 2002). Em todos os casos onde existia a hipótese de exclusão ou mutação para um determinado marcador e um dos envolvidos apresentou genótipo homocigoto, este marcador é testado separadamente para definir se é alelo nulo ou mutação. No caso de ser um alelo nulo, o marcador é retirado da análise e seus dados não são enviados ao banco. E quando é mutação, a mesma é considerada no caso e está contabilizada na taxa de mutação.

Ao final da caracterização de cada marcador escolhido o SE33 merece atenção especial já que se destacou em todas as análises, e mostrou os resultados mais informativos. O SE33 é um marcador padronizado para o banco de dados alemão, sendo considerado um dos marcadores mais polimórficos utilizados em genética forense com um poder de discriminação que varia entre 96,6% e 98,7% e um índice de heterozigose que varia 0,94 e 0,966 (Heinrich et al, 2004). Este marcador é um microssatélite complexo que apresentam uma variação de 2 e 4 motivos de repetições (Cabrero et al, 1995). Em todos os estudos onde estava presente (17,18,34,38) apresentou os melhores resultados. No nosso estudo encontramos mais de 50 alelos para o SE33 e 92,4% de heterocigotos.

VI – 3. Análises Populacionais

As análises populacionais foram realizadas em dois bancos de dados diferentes, e essa divisão foi proposta para fins de comparações. A questão era a seguinte: uma diminuição no número de marcadores com consequente aumento no número de indivíduos analisados faria diferença nos resultados finais? Em nenhuma das análises realizadas essa divisão fez diferença, a variância molecular é maior dentro as populações para os dois conjuntos de dados, a heterozigosidade é razoável para os dois, o distanciamento genético é pequeno para os dois conjuntos e ambos apresentaram populações que desviam do equilíbrio de Hardy-Weinberg. Todas as constatações serão melhor discutidas abaixo.

Quando analisamos a variância molecular (AMOVA), observamos que variância é muito maior dentro das populações do que entre elas independente do conjunto de dados analisados e gira em torno de 99,8%. Resultados semelhantes são observados em estudos com um número maior de microssatélites e com diferentes populações mundiais (Rosenberg et al, 2002). Neste último estudo, a variância também é maior dentro das populações do que entre populações com exceção das populações americanas que possuem uma variância de 11% entre as populações. No estudo com população da Costa Rica, México e EUA (Campos-Sánchez et al, 2006), a variância também é maior dentro das populações. Isso demonstra que, apesar de estudarmos um número pequeno de marcadores autossômicos, os resultados não diferenciam muito entre um e o outro e demonstram que as populações estudadas são muito parecidas em nível molecular.

O número de marcadores analisados e o tamanho amostral deste estudo podem ser insuficientes para demonstrar uma variação entre as populações. Isso foi explicado por Rosenberg (2002) que diz que a maior parte dos estudos com marcadores utilizados para análises forenses apresentam alelos comuns a todas as regiões estudadas, que alelos região-específicos são raros e que seria necessário estudar um número muito maior de marcadores para observar uma variação realmente informativa.

A heterozigosidade é uma das medidas de variação genética dentro das populações; é totalmente dependente da frequência dos heterozigotos; sendo assim, quanto mais variada for a população maior a heterozigosidade. Todas as populações estudadas apresentam valores altos de heterozigosidade o que condiz com outros estudos utilizando populações brasileiras que também mostram valores altos de heterozigose. Por exemplo, os valores de H em

populações da região amazônica são tão altos quanto os das regiões sulistas (Rodrigues et al, 2007; Chula et al, 2009; Ocampos et al, 2009).

Outra análise realizada foi a utilização da estatística F . Neste estudo calculamos o F_{st} que mede o distanciamento genético entre as populações estudadas. Todos os marcadores analisados neste estudo mostraram valores muito baixos para o F_{st} em todas as populações estudadas nos dois conjuntos de dados escolhidos, o que indica que exista uma alta taxa de migração entre as populações estudadas (Bossart & Prowell, 1998). Então podemos observar que as populações são homogêneas em relação aos marcadores incluídos no estudo, não havendo distanciamento genético entre elas. Em um estudo sobre a estrutura da população argentina realizado com marcadores utilizados em testes forenses, observamos também que os valores de F_{st} são baixos, concluindo que as distâncias genéticas não são estatisticamente significantes (Toscanini et al, 2007). Outro dado interessante de reportar é que os valores de F_{st} em populações isoladas das ilhas Andaman, estudando marcadores forenses, também são baixos (Thangaraj et al, 2007). O segundo valor de estatísticas de F foi F_{is} . Este valor mostrou valores baixos de F_{is} que, mesmo sendo positivos, não indicam desvio em relação ao equilíbrio de Hardy-Weinberg. Já que é sabido que o F_{is} demonstra os desvios em relação às proporções demonstradas pelo equilíbrio.

Por último, testamos todas as populações quanto ao equilíbrio de Hardy-Weinberg e observamos, nos dois conjuntos de dados, que algumas populações apresentaram pequenos desvios para alguns marcadores. Segundo Balding (2006) alguns eventos podem levar a desvios no equilíbrio de Hardy-Weinberg, um deles é presença de alelos nulos, mais aceita nos casos onde o tamanho da amostragem é pequeno. Quando a amostragem for suficiente, esse fato pode ser rejeitado porque a magnitude do desvio é praticamente insignificante. Além disso, em alguns casos a presença de alelos nulos pode ser devido a artefatos da técnica. Uma subdivisão na população ou casamentos co-sanguíneos também pode levar a desvios no equilíbrio. Nos estudos com marcadores forenses, desvios devido à escolha do parceiro e seleção devem ser considerados pequenos, porque a maioria desses marcadores não são *loci* funcionais ou regulatórios. Outro motivo que pode levar aos desvios é o fato de as populações poderem se comportar segundo o princípio de Wahlund, onde subpopulações podem ter sido analisadas em conjunto e se existe diferenças entre as frequências alélicas entre essas subpopulações, pode ser observada uma deficiência de heterozigotos e um excesso de homozigotos (Yasuda, 2007). Neste caso, os desvios observados para alguns marcadores, quando testamos o equilíbrio de Hardy-Weinberg, os valores positivos de F_{is} e o fato de a

heterozigosidade esperada ser um pouco mais alta que a observada podem ser explicados pela presença de alelos nulos devido a artefato de técnica.

VII - Conclusão

No decorrer das análises realizadas, com o objetivo de caracterizar os marcadores escolhidos, pudemos observar uma variação no quanto tais marcadores são informativos; no entanto a maioria deles apresentou resultados significativos. Os resultados nos levam a considerá-los interessantes para estudos forenses, principalmente pelo fato de mesclarmos marcadores CODIS e não-CODIS. O resultado mais relevante fica para os marcadores inéditos que se mostraram altamente informativos para estudos forenses, podendo ser utilizados como alternativa para os casos onde a bateria comum de testes (sistema CODIS) não for suficiente para a conclusão do laudo. A união deste estudo a outros do mesmo tipo com todos os marcadores do sistema CODIS pode auxiliar na escolha dos marcadores a serem utilizados nos testes forenses, a mescla de marcadores pode acontecer com os mais informativos de todos os estudos e obter bons resultados em uma única bateria de testes. É interessante colocar que, a partir de 2010 novos kits comerciais, estão sendo apresentados ao mercado europeu com a inclusão de alguns marcadores escolhidos neste estudo que ainda não haviam sido utilizados para fins comerciais, como o SE33. Ao final das análises, quando se compara os painéis incluídos neste estudo com o painel do CODIS devido à presença de marcadores inéditos com valores interessantes para os parâmetros forenses, podemos concluir que são mais informativos e apresentam bons resultados para solução de casos de paternidade e identificação genética.

No presente estudo com marcadores microssatélites que são altamente polimórficos, não apresentou resultados significativos, sendo assim, não é possível observar estruturação nas populações brasileiras. Geneticamente, todas as populações são muito parecidas e as frequências alélicas não mudam muito de uma população para outra. Isso foi demonstrado pelo fato de a maior parte da variância (AMOVA) ser dentro das populações e pelos valores baixos de distanciamento genético (F_{st}). Além disso, podemos confirmar a alta variabilidade da população brasileira já que as medidas de variabilidade (Heterozigosidade) apresentaram valores altos. Todos os dados encontrados no nosso estudo condizem com os dados de outros estudos com a população brasileira.

Talvez a utilização deste tipo de marcador não seja o mais recomendado para estudos sobre a estrutura das populações, pelo fato de que é necessária a análise de um número muito grande de marcadores o que eleva o custo e dificulta as análises. Porém os marcadores são extremamente aplicáveis a estudos forenses, e estudos deste tipo são extremamente úteis para

tal tipo de análise que é totalmente dependente do conhecimento dos marcadores e das populações envolvidas.

VIII - Referências Bibliográficas

ASAMURA H., OTA M., FUKUSHIMA H. (2008) Population data on 10 non-CODIS STR loci in Japanese population using a newly developed multiplex PCR systems. *Journal of Forensic and Legal Medicine* 15 519-523.

ASAMURA H., FUJIMORI S., OTA M., FUKUSHIMA H. (2007) MiniSTR multiplex systems based on non-CODIS loci for analysis of degraded DNA samples. *Forensic Science International* 173:7-15.

BALDING D. J. (2006) Weight-of-evidence for forensic DNA profiles – statistics in practice. *John Wiley & Sons* 184p.

BAREA J. A., PARDINI M. I. M. C., GUSHIKEN T. (2004) Extração de DNA de materiais de arquivo e fontes escassas para utilização em reação de polimerização em cadeia (PCR). *Rev. bras. hematol. hemoter.* 26(4):274-281.

BECKER D., BENDER K., EDELMANN J., GOTZ F., HENKE L., HERING S., HOHOFF C., HOPPE K., KLINTSCHAR M., MUCHE M., ROLF B., SZIBOR R., WEIRICH V., JUNG M., BRABETZ W. (2007) New alleles and mutational events at 14 STR loci from different German populations. *Forensic Science International: Genetics* 1:232-237.

BETZ T., IMMEL U. D., KLEIBER M., KLINTSCHAR M. (2007) Paterniplex, a high discriminative decaplex STR multiplex tailored for investigating special problems in paternity testing. *Electrophoresis* 28:3868-3874.

BOROSKY A., CATELLI L., VULLO C. (2009) Analysis of 17 STR loci in different provinces of Argentina. *Forensic Science International: Genetics* 3:e93-e95.

BOSSART J. L., PROWELL D. P. (1998) Genetic estimates of population structure and gene flow: limitations, lessons and new directions. *Tree* 13:202-206.

BUTLER J. M. (2006) Genetics and genomics of core short tandem repeat loci used in human identity testing. *Journal of Forensic Science* 51:253-265

CABRERO C., DÍEZ A., VALVERDE E., CARRACEDO A., ALEMANY J. (1995) Allele frequency distribution of four PCR-amplified loci in Spanish population. *Forensic Science International* 71:153:164.

CAMPOS-SÁNCHEZ R., BARRANTES R., SILVA S., ESCAMILLA M., ONTIVEROS A., NICOLINI H., MENDOZA R., MUNOZ R., RAVENTOS H. (2006) Genetic structure analysis of three Spanish populations from Costa Rica, Mexico and southwestern United States using Y-chromosome STR markers and mt-DNA sequences *Human Biology* 78:551-563.

CHARLESWORTH B. (2009) Effective population size and patterns of molecular evolution and variation. *Nature Reviews Genetics* 10:195-205.

CHULA F. G. L., RODENBUSCH R., SCHUMACHER S., GRANDI T., MICHELON C. T., GASTALDO A. Z., COSTI C., CARVALHO B., SILVA C. M. D. (2009) 15 STR loci frequencies with mutation rates in the population from Rio Grande do Sul, southern Brazil. *Forensic Science International: Genetics* 3:e35-e38.

CIFUENTES L. O., MARTÍNEZ E. H., ACUNA M. P., STAT M., JONQUERA H. G. (2006) Probability of exclusion in paternity testing: time to reassess. *J. Forensic Sci* 51:349-350.

DAKIN E. E., AVISE J. C. (2004) Microsatellite null alleles in parentage analysis. *Heredity* 93:504-509

DEL CASTILLO D. M., PERONE C., QUEIROZ A. R., MOURÃO P. H. O., VASCONCELLOS L. S., NASCIMENTO M. A., JANUARIO J. N. (2009) Population genetic data of 15 STR markers in the Brazilian population of Minas Gerais. *Legal Medicine* 11:45-47.

DELLALIBERA E., HAVRO M. L. B., SOUZA M., KAJIHARA K., MAURICIO-DASILVA L., SILVA R. S. (2004) Genetic analysis of 13 STR loci in the population from the state of Pernambuco, northeast Brazil. *Forensic Science International* 146:57-59.

EGYED B., FUREDI S., ANGYAL M., BALOGH I., KALMAR L., PADAR Z. (2006) Analysis of the population heterogeneity in Hungary using fifteen forensically informative STR markers. *Forensic Science International* 158:244-249.

ELLEGREN H. (2004) Microsatellites: simple sequence with complex evolution. *Nature reviews – Genetics* 5:435-445.

EXCOFFIER L., SMOUSE P. E., QUATTRO J. M. (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotype: application of human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131:479-491.

EXCOFFIER L., HECKEL G. (2006) Computer programs for population genetics data analysis: a survival guide. *Nature Reviews: Genetics* 7:745-758.

FERREIRA L. B., MENDES-JUNIOR C. T., WIEZEL C. E. V., LUIZON M. R., SIMÕES A. L. (2006) Genomic ancestry of a sample population from the state of São Paulo, Brazil. *American Journal of Human Biology* 18:702-705.

FOSTER M. W., SHARP R. R. (2004) Beyond race: towards a whole-genome perspective on human populations and genetic variation. *Nature reviews – Genetics* 5:790-796.

FRIDMAN C., SANTOS P. C. C., KOHLER P., GARCIA C. F., LOPEZ L. F., MASSAD E., GATTÁS G. J. F. (2008) Brazilian population profile of 15 STR markers. *Forensic Science International: Genetics* 2:e1-e4.

GAIKWAD S., VASULU T. S., KASHYAP V. K. (2006) Microsatellite diversity reveals the interplay of language and geography in shaping genetic differentiation of diverse Proto-Australoid populations of West-Central India. *American Journal of Physical Anthropology* 129:260-267.

GIBAS C., JAMBECK P. (2001) Desenvolvendo Bioinformática. *Campus*. 440p.

GILL P., FOREMAN L., BUCKLETON J. S., TRIGGS C. M., ALLEN H. (2003) A comparison of adjustment methods to test the robustness of an STR DNA database comprised of 24 European population. *Forensic Science International* 131:184-196.

GÓES A. C. S., SILVA D. A., GIL E. H. F., SILVA M. T. D., PEREIRA R. W., CARVALHO E. F. (2004) Allele frequencies data and statistic 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 Science International* 140:131-132.

GONZÁLEZ-ANDRADE F., SÁNCHEZ D., PENACINO G., JARRETA B. M. (2009) Two fathers for the same child: a deficient paternity case of false inclusion with autosomic STRs. *Forensic Science International: Genetics* 3:138-140.

GRATTAPAGLIA D., SCHIMIDT A. B., COSTA E SILVA C., STRINGHER C., FERNANDES A. P., FERREIRA M. E. (2001) Brazilian population database for the 13 STR loci of the Ampf/STR® Profile Plus™ and Cofiler™ multiplex kits. *Forensic Science International* 118:91-94.

GRUBWIESER P., ZIMMERMANN B., NIEDERSTATTER H., PAVLIC M., STEINLECHNER M., PARSON W. (2007) Evaluation of an extended set of 15 candidate STR loci for paternity and kinship analysis in an Austrian population sample. *Int J Legal Med* 121:85-89.

HEY J., MACHADO C. A. (2003) The study of structured populations – new hope for a difficult and divided science. *Nature reviews – Genetics* 4:535-543.

HEINRICH M., MULLER M., RAND S., BRINKMANN B., HOHOFF C. (2004) Allelic drop-out in STR systems ACTBP2 (SE33) as a result of mutations in the primer binding region. *Int J Legal Med* 118:361-363.

HOLSINGER K. E., WEIR B. S. (2009) Genetic and geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F_{st} . *Nature reviews – Genetics* 10:639-650.

HUSTON K. A. (1998) Statistical analysis of STR data. *Profiles in DNA* (Promega Corporation) 14-15.

JIN L., CHAKRABORTY R. (1995) Population structure, stepwise mutations, heterozygote deficiency and their implications in DNA forensics. *Heredity* 74:274-285.

JOBLING M. A., GILL P. (2004) Encoded Evidence: DNA in forensic analysis. *Nature Reviews – Genetics* 5:739-752

KAYSER M., SAJANTILA A. (2001) Mutations at Y-STR loci: implications for paternity testing and forensic analysis. *Forensic Science International* 118:116-121.

KRENKE B. E., VICULIS L. RICHARD M. L., PRINZ M., MILNE S. C., LADD C., GROSS A. M., GORNALL T., FRAPPIER J. R. H., EISENBERG A. J., BARNA C., ARANDA X. G., ADAMOWICZ M. S., BUDOWLE B. (2005) Validation of a male-specific 12-locus fluorescent short tandem repeat (STR) multiplex. *Forensic Science International* 148:1-14

KRITHIKA S., TRIVEDI R., KASHYAP V. K., VASULU T. S. (2005) Genetic diversity at 15 microsatellite loci among the Adi Pasi population of Adi tribal cluster I Arunachal Pradesh, India. *Legal Medicine* 7:306-310.

KUZNIAR P., PLOSKI R. (2004) STR data for the power plex 16 loci in a population of central Poland. *Forensic Science International* 139:261-263.

LEOPOLDINO A. M., PENA S. D. J. (2002) The mutational spectrum of human autosomal tetranucleotide microsatellites. *Human Mutation* 21:71-79.

LOVO-GÓMEZ J., SALAS A., CARRACEDO A. (2007) Microsatellite autosomal genotyping data in four indigenous populations from El Salvador. *Forensic Science International* 170:86-91.

MARTÍNEZ B., CARABALLO L., BARÓN F., GUSMÃO L., AMORIM A., CARRACEDO A. (2006) Analysis of STR loci in Cartagena, a caribbean city of Colombia. *Forensic Science International* 160:221-223.

MENEZES M. P. R. (2005) Variabilidade e relações genéticas entre raças caprinas brasileiras, ibéricas e canárias. Tese (Doutorado integrado em Zootecnia) – Universidade Federal da Paraíba, Universidade Federal Rural de Pernambuco e Universidade Federal do Ceará. Paraíba.

MICKALAKIS Y., EXCOFFIER L. (1996) A generic estimation of population subdivision using distances between alleles with special reference for microsatellite loci. *Genetics* 142:1061-1064.

MINISTÉRIO PÚBLICO DO ESTADO DE MINAS GERAIS (2008) Regulamentação do exame de DNA. *10ª Promotoria de Justiça – Uberaba*. 1:1-31.

MORTON N. E. (1992) Genetic structure of forensic populations. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 89:2556-2560.

MORTON N. E. (1994) Genetic structure of forensic populations. *Am. J. Hum. Genetics* 55:587-588.

NEI M. (1977) F-statistics and analysis of gene diversity in subdivision population. *Ann. Hum. Genet.* 41:225-233.

NIEVERGELT C., LIBIGER O., SCHORK N. J. (2007) Generalized analysis of molecular variance. *PLoS Genetics* 3:467-478.

OCAMPOS M., FERNANDES R. C., LATORRE A. F. S., SILVA C. M. D., KORNDORFER F. P., GIAMARUSTI A. C., MENEZES M. E. (2009) 15 STR loci frequencies in the population from Santa Catarina, southern Brazil. *Forensic Science International: Genetics* 3:e129-e131.

PRITCHARD J. K., STEPHENS M., DONELLY P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959.

REYNOLDS J., WEIR B. S., COCKERHAM C. (1983) Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics* 105:767-779.

RIDLEY M. *Evolução*. 3 ed. Porto Alegre: Artmed, 2006

RODENBUSH R., SCHUMACHER S., GASTALDO A. Z., CHULA F. G. L., MACIEL L. P., GRANDI T., MICHELON C. T., COSTI C., SILVA C. M. D. (2009) Population Genetic data for 11 STR loci, including SE33, in southern Brazil. *Legal Medicine* 11:200-202.

RODRIGUES E. M. R. R., PALHA T. J. B. F., SANTOS S. E. B. (2007) Allele frequencies data and statistics parameters for 13 STR loci in a population of Brazilian Amazon region. *Forensic Science International* 168:244-247.

ROSENBERG N. A., PRITCHARD J. K., WEBER J. L., CANN H. M., KIDD K. K., ZHIVOTOVSKY L. A., FELDMAN M. W. (2002) Genetic structure of human population. *Science* 298:2381-2385.

SÁNCHEZ-DIZ P., ACOSTA M. A., FONSECA D., FERNÁNDEZ M., GÓMEZ Y., JAY M., ALAPE J., LAREU M. V., CARRACEDO A., RESTREPO C. M. (2009) Population data on 15 autosomal STRs in a sample from Colombia. *Forensic Science International: Genetics* 3:e81-e82.

SCARPETTA M. A., STAUB R. W., EINUM D. D. (2007) Assessing exclusionary power of a paternity test involving a pair of alleged grandparents. *Transfusion* 47:335-340.

SILVA L. A. F., PIMENTEL B. J., AZEVEDO D. A., SILVA E. N. P., SANTOS S. S. (2002) Allele frequencies of nine STR loci – D16S539, D7S820, F13S317, CSF1PO, TPOX, TH01, F13A01, FESFPS and vWA – in the population from Alagoas, northeastern. *Forensic Science International* 130:187-188.

SILVA D. A., CROUSE C. A., CHAKRABORTY R., GÓES A. C. S., CARVALHO E. F. (2004) Statistical analyses of 14 short tandem repeat loci in Brazilian populations from Rio de Janeiro e Mato Grosso do Sul states for forensic and identity purposes. *Forensic Science International* 139:173-176.

SHI M., YU X., BAI R., SHU X., ZHU G., LV J., TU Y. (2008) Genetic polymorphisms of 14 non-CODIS STR loci for forensic use in southeast China population. *Forensic Science International* 174:76-79.

SHIN C. H., LEE J. B., LEE Y. S. (2004) Allele frequencies and genetic data of 16 highly polymorphic loci in Koreans. *Forensic Science International* 141:189-192.

THANGARAJ K., CHAUBEY G., REDDY A. G., SINGH V. K., SINGH L. (2007) Autosomal STR data on the enigmatic Andaman islanders. *Forensic Science International* 169:247-251.

THOMSON J. A., PILOTTI V., STEVENS P., AYRES K. L., DEBENHAM P. G. (1999) Validation of short tandem repeat analysis for the investigation of cases of disputed paternity. *Forensic Science International* 100:1-16.

TOSCANINI U., GUSMÃO L., BERARDI G., AMORIM A., CARRACEDO A., SALAS A., RAIMONDI A. (2007) Testing for genetic structure in different urban Argentina population. *Forensic Science International* 165:35-40.

VICARD P., DAWID A. P., MORTERA J., LAURITZEN S. L. (2008) Estimating mutation rates from paternity casework. *Forensic Science International: Genetics* 2:9-18.

YASUDA N. (1967) An extension of Wahlund's principle to evaluate mating type frequency. *Am. J. Hum. Genetics* 385:1-23.

WANG S., LEWIS C.M.; JAK OBSSON M., RAMACHANDRAN S., RAY N. et al (2007) Genetic variation and population structure in native americans. *PloS Genetics* 3(11):e185.

WEIR B. S. (1996) Genetic data analysis II. *Sinauer Associates*. 445p.

WEIR B. S., ANDERSON A. D., HEPLER A. B. (2006) Genetic relatedness analysis: modern data and new challenges. *Nature Reviews: Genetics* 7:771-780.

WHITTLE M. R., ROMANO N. L., NEGREIROS V. A. C. (2004) Update Brazilian genetic data, together with mutations rates, on 19 STR loci, including D10S1237. *Forensic Science International* 139:207-210.

WOLFGRAMM E. V., CARVALHO F. M. C., AGUIAR V. R. C., SARTORI M. P. N., HIRSCHFELD-CAMPOLONGO G. C. R., TSUTSUMIDA W. M., LOURO I. D. (2009) Simplified buccal DNA extraction with FTA Elute Cards. *Forensic Science International: Genetics* 3:125-127.

WRIGHT S. (1951) The genetical structure of populations. *Ann. Eugen.* 15: 323–354.

ZENG Z. S., ZHENG X. D., ZHU Y. L., WANG Z. Q., XIANG Z. D., MENG X. S., WANG T. P., DONG Z. M. (2007) Population genetic data of 15 STR loci in Han population of Henan province (central China). *Legal Medicine* 9:30-32.

Sítios eletrônicos acessados

<http://educacao.genesisdbm.com.br/sequenciamento.shtml> acessado em 8/04/2009 às 16:56.

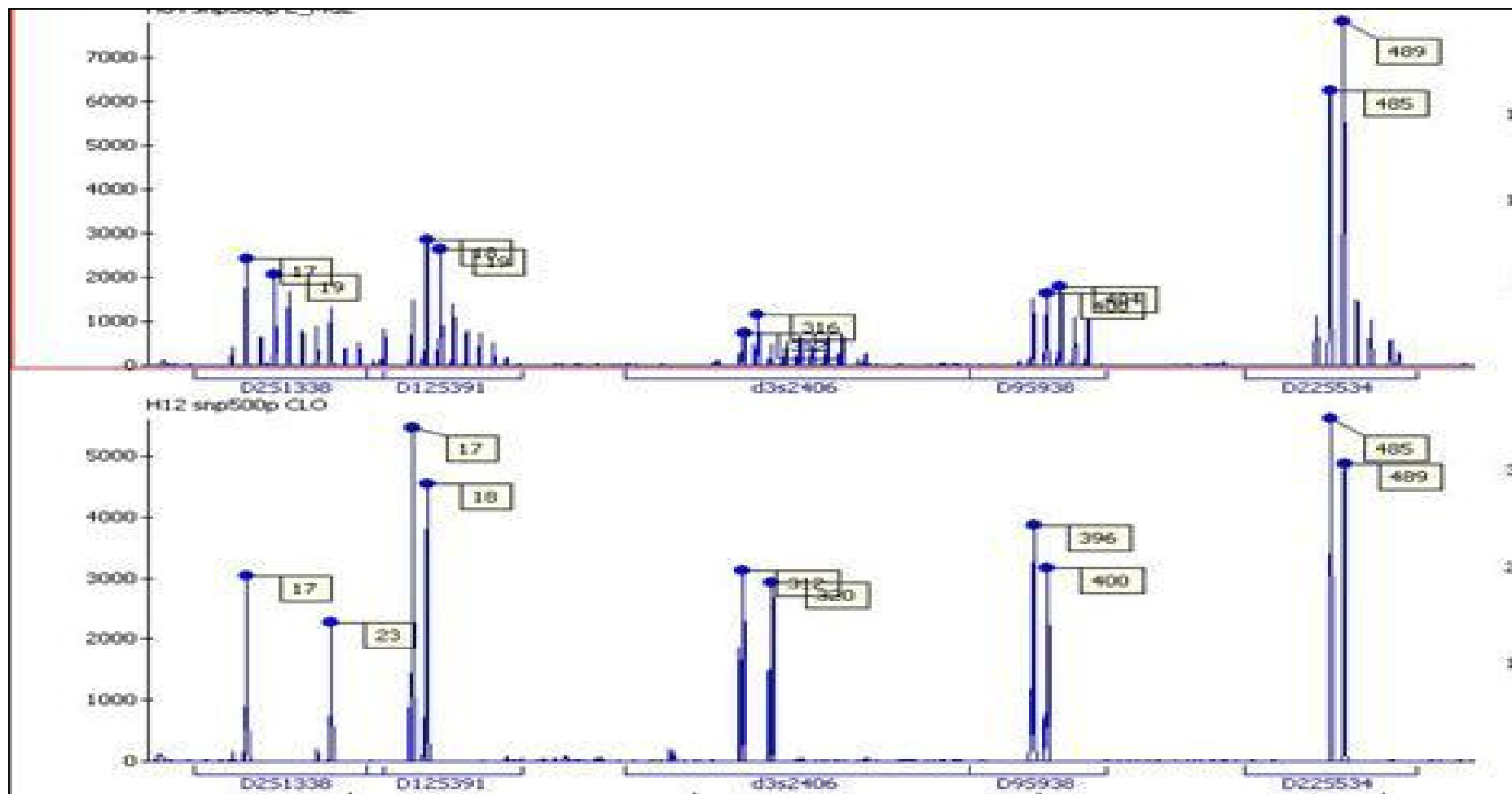
<http://www.friigoletto.com.br/GeoPop/formapop.htm> acessado em 14/11/2009 às 00:37

<http://www.fbi.gov/hq/lab/html/codis1.htm> acessado em 15/11/2009 às 10:00

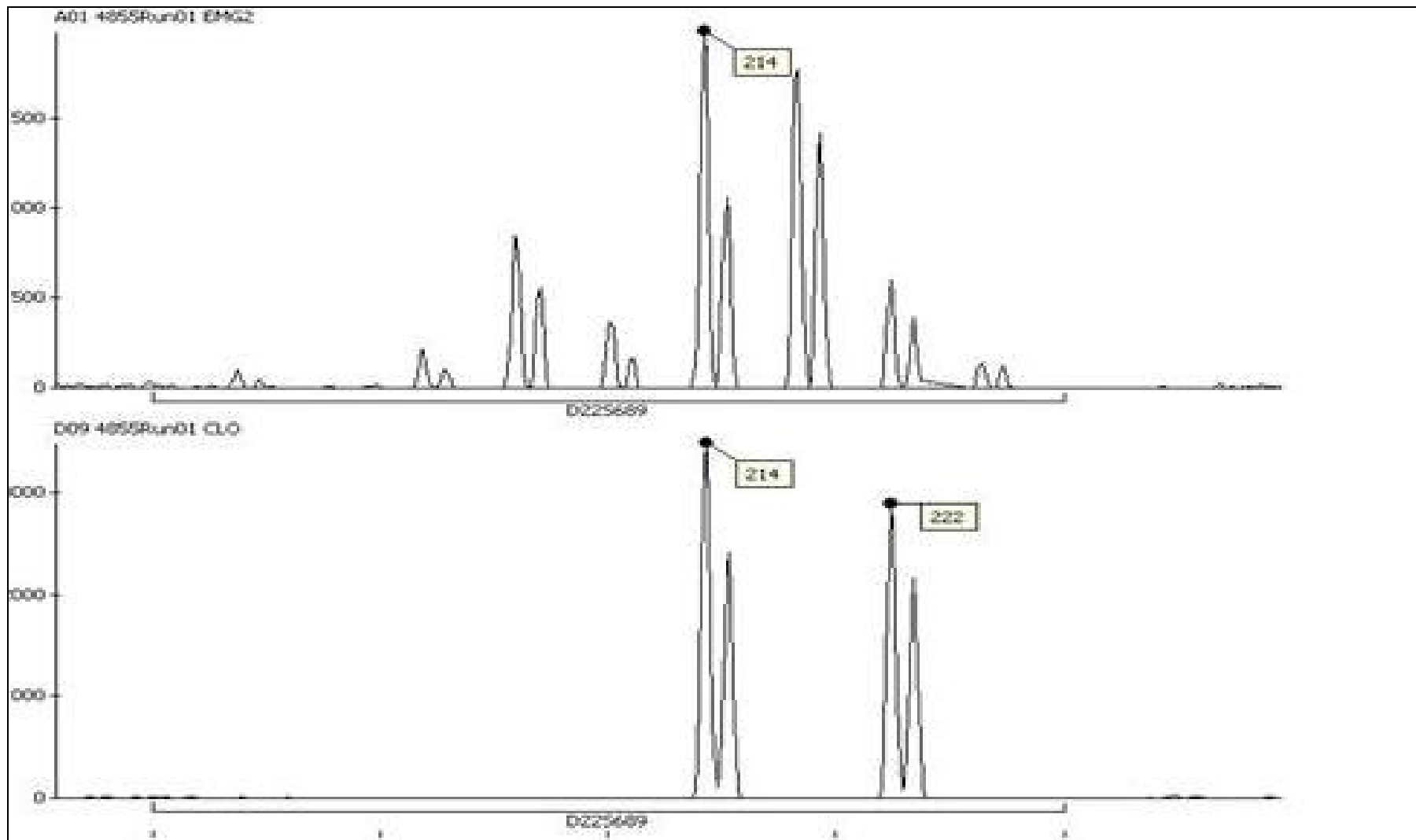
http://www.jornaldamidia.com.br/noticias/2009/05/17/Brasil/Brasil_fara_acordo_com_FBI_p ara_c.shtml acessado em 15/11/2009 às 10:10.

Anexos

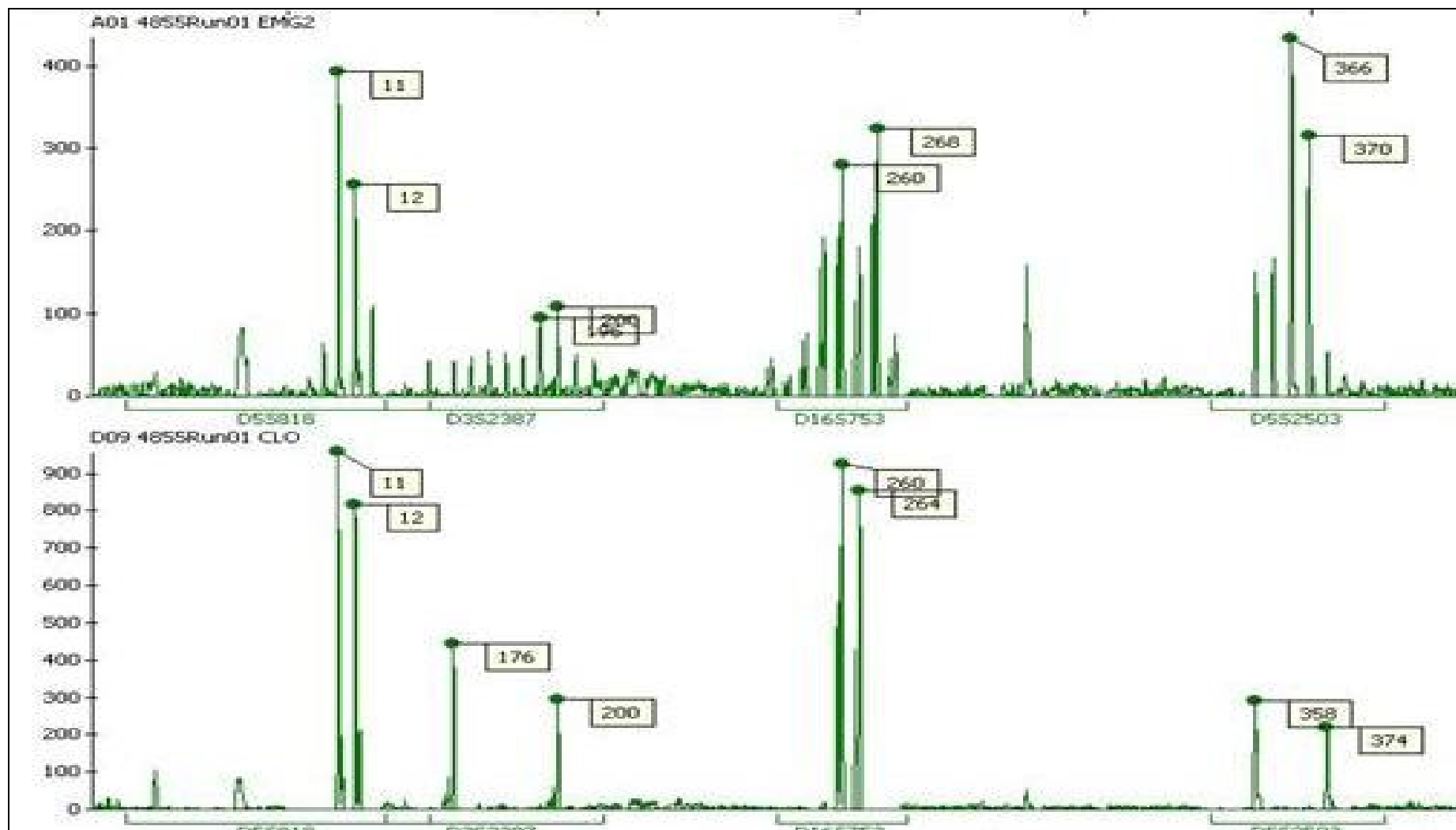
Anexo 1 – Imagem MG2 microssatélites marcados com a fluorescência FAM alinhados de acordo com o tamanho em pares de bases, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido.



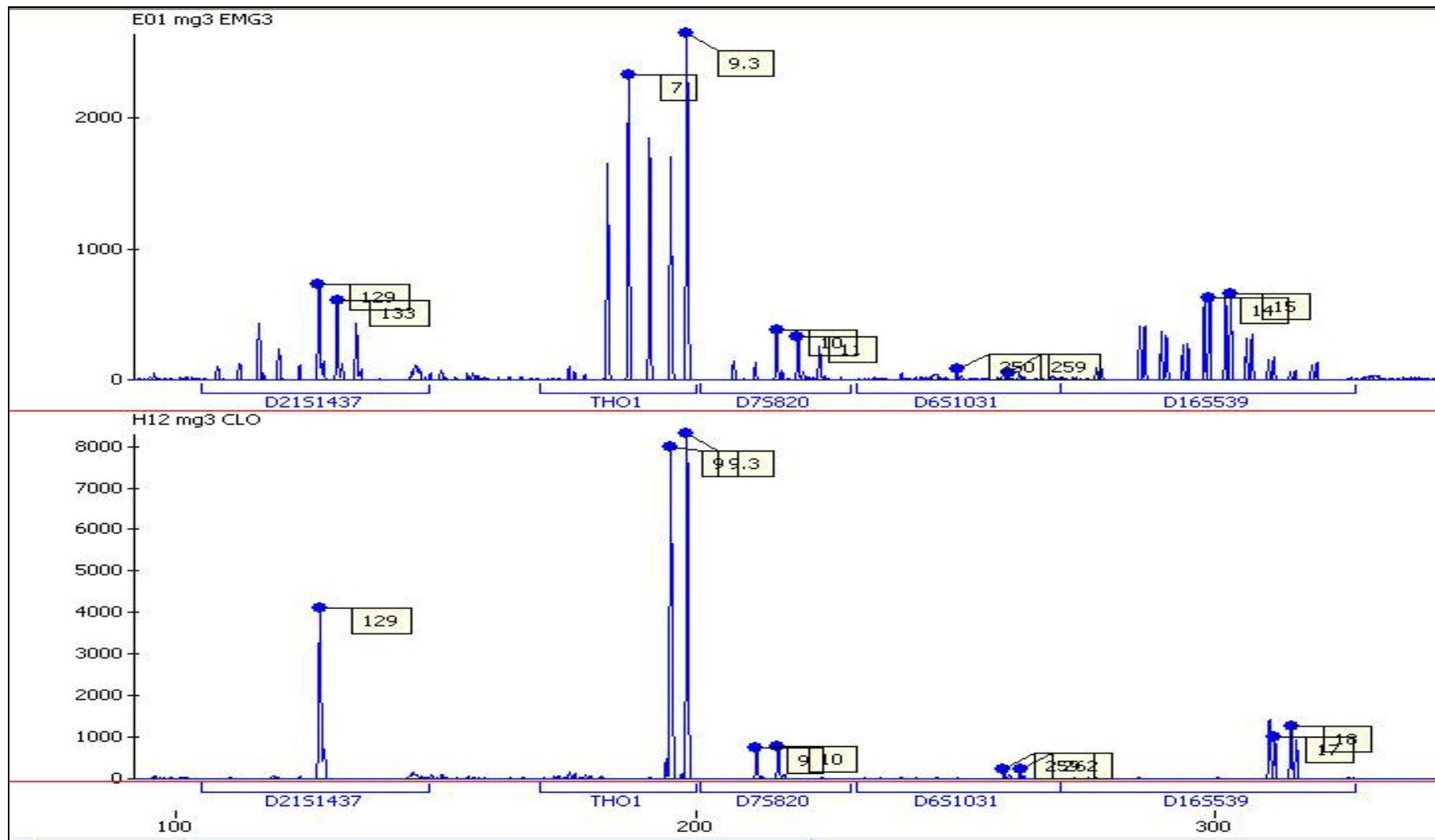
Anexo 2 – Imagem MG2 microssatélite marcado com a fluorescência TMR, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido.



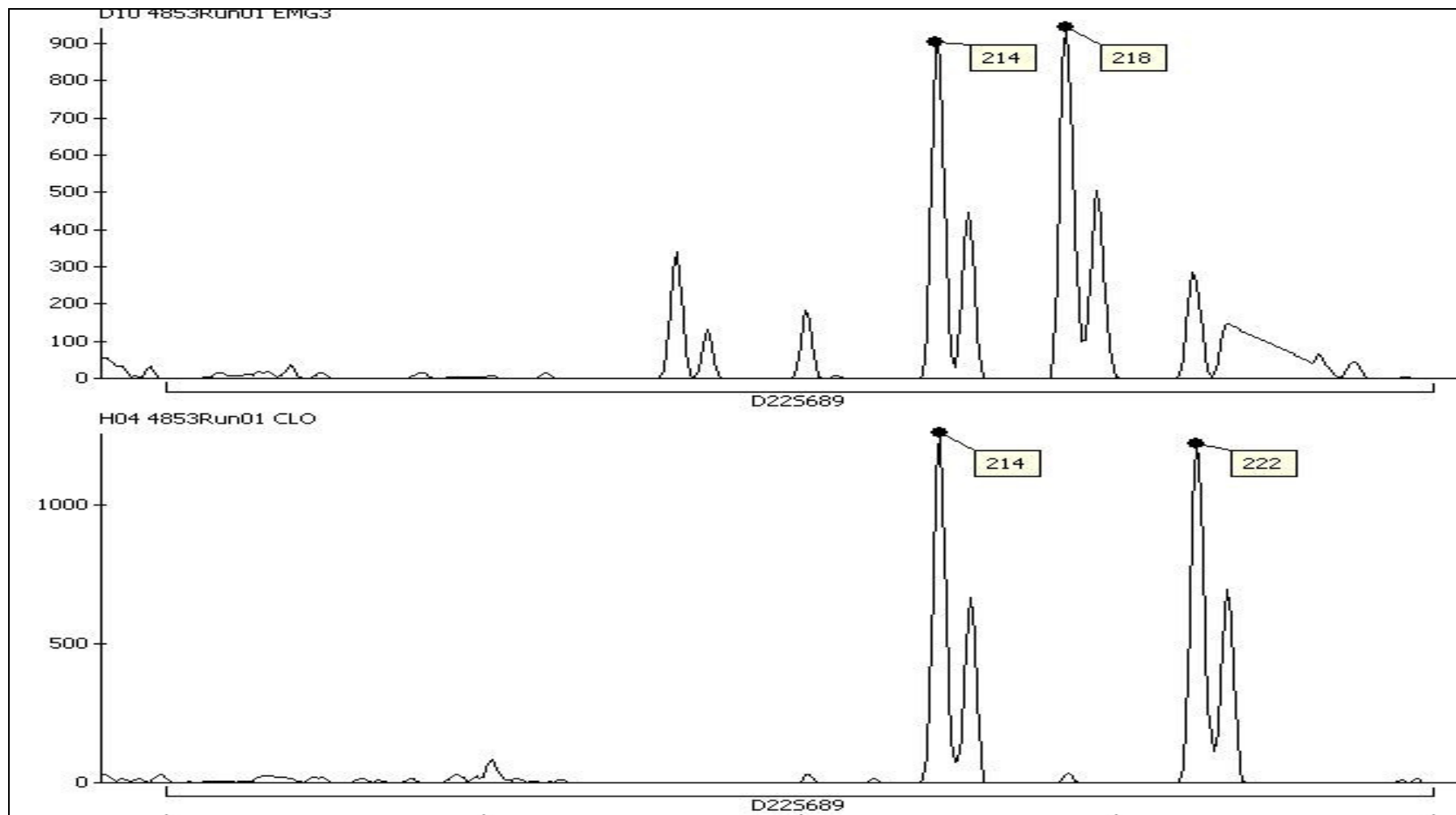
Anexo 3 – Imagem MG2 microssatélites marcados com a fluorescência HEX alinhados de acordo com o tamanho em pares de bases, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido.



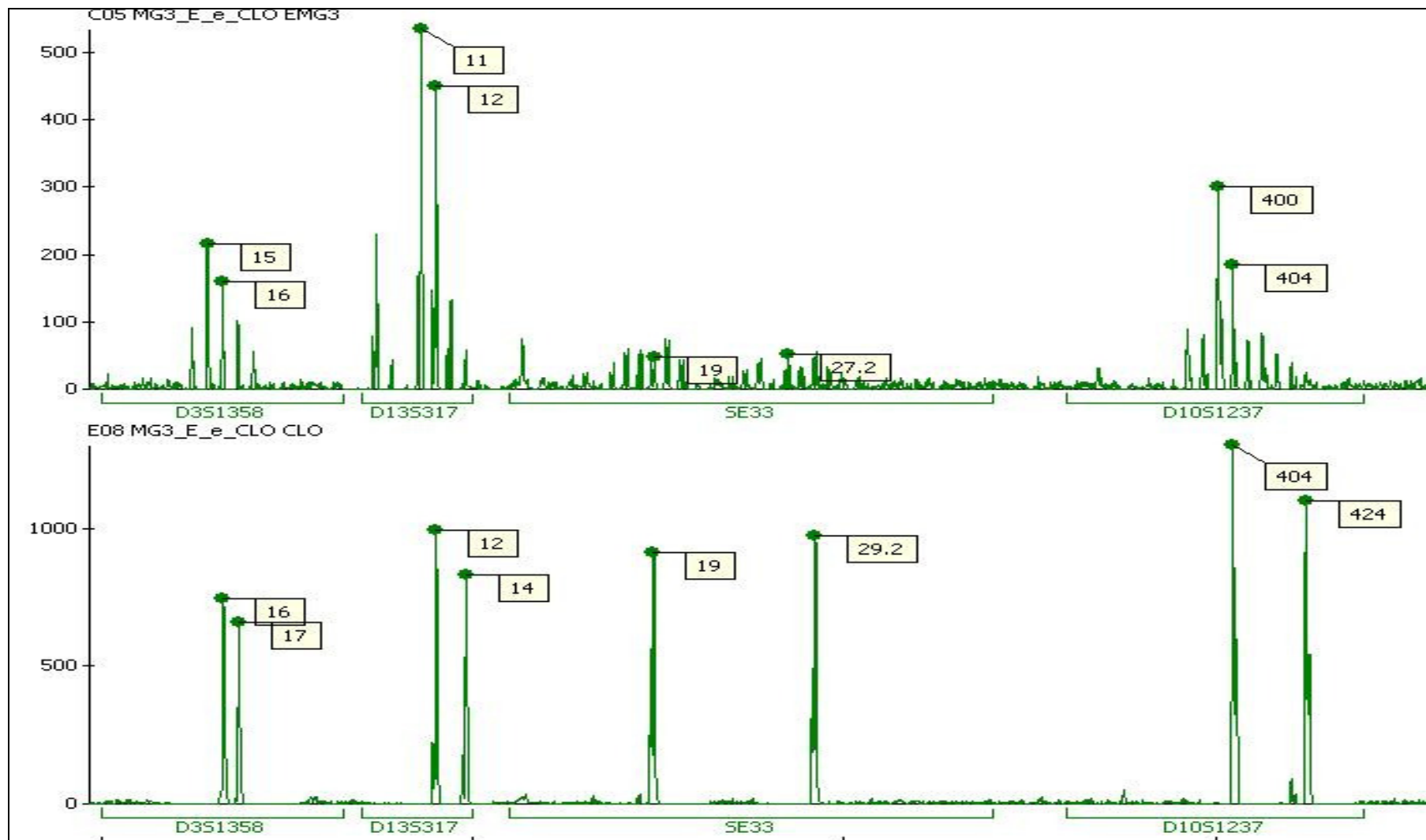
Anexo 4 – Imagem MG3 microssatélites marcados com a fluorescência FAM alinhados de acordo com o tamanho em pares de bases, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido.



Anexo 5 – Imagem MG3 microssatélite marcado com a fluorescência TMR, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido.



Anexo 6 – Imagem MG3 microssatélites marcados com a fluorescência HEX alinhados de acordo com o tamanho em pares de bases, acima padrão de escada alélica para cada marcador e abaixo perfil de uma amostra de DNA já conhecido.



Anexo 7 - Consulta Dados Completos:

```
SELECT [e.Numero] & "-" & [ee.AmostraID] AS Individuo, ee.CidadeNaturalidade,
ee.SiglaEstadoNaturalidade, ee.TipoColeta, e.SiglaEstado AS EstadoParceiro,
e.TipoContrato, a1.D10S1237 AS D10S1237_A1, a2.D10S1237 AS D10S1237_A2,
a1.D12S391 AS D12S391_A1, a2.D12S391 AS D12S391_A2, a1.D13S317 AS
D13S317_A1, a2.D13S317 AS D13S317_A2, a1.D16S539 AS D16S539_A1, a2.D16S539
AS D16S539_A2, a1.D16S753 AS D16S753_A1, a2.D16S753 AS D16S753_A2,
a1.D21S1437 AS D21S1437_A1, a2.D21S1437 AS D21S1437_A2, a1.D22S534 AS
D22S534_A1, a2. D22S534 AS D22S534_A2, a1.D22S689 AS D22S689_A1, a2. D22S689
AS D22S689_A2, a1.D2S1338 AS D2S133_A1, a2.D2S1338 AS D2S1338_A2, a1.D3S1358
AS D3S1358_A1, a2.D3S1358 AS D3S1358_A2, a1.D3S2387 AS D32387_A1, a2.D3S2387
AS D32387_A2, a1.D3S2406 AS D3S2406_A1, a2.D3S2406 AS D3S2406_A2, a1.D5S2503
AS D5S2503_A1, a2.D5S2503 AS D5S2503_A2, a1.D5S818 AS D5S818_A1, a2.D5S818
AS D5S818_A2, a1.D7S820 AS D7S820_A1, a2.D7S820 AS D7S820_A2, a1.D9S938 AS
D9S938_A1, a2.D9S938 AS D9S938_A2, a1.SE33 AS SE33_A1, a2.SE33 AS SE33_A2,
a1.TH01 AS TH01_A1, a2.TH01 AS TH01_A2

FROM (qryAlelosCross_Alelo2 AS a2 INNER JOIN qryAlelosCross_Alelo1 AS a1 ON
a2.ExameEnvolvidoPK = a1.ExameEnvolvidoPK) INNER JOIN (Exame AS e INNER JOIN
ExameEnvolvido AS ee ON e.ExamePK = ee.ExamePK) ON a1.ExameEnvolvidoPK =
ee.ExameEnvolvidoPK;
```

Anexo 8- Distribuição dos indivíduos por estado de acordo com os conjuntos de dados pré-definidos

	Dados 1	Dados 2	Dados 3	Dados 4
Acre	173	355	41	101
Alagoas	9	19	30	63
Amazonas	413	797	104	206
Amapá	5	17	3	6
Bahia	2891	5431	700	1483
Ceará	405	777	121	323
Distrito Federal	0	0	2	7
Espírito Santo	1534	3133	479	961
Goiás	369	658	19	30
Maranhão	311	690	91	229
Minas Gerais	1216	2363	440	1023
Mato Grosso do Sul	24	52	10	15
Mato Grosso	183	370	26	61
Pará	90	155	34	82
Paraíba	198	377	72	156
Pernambuco	513	937	150	303
Piauí	285	624	135	327
Paraná	445	748	111	182
Rio de Janeiro	25	46	40	85
Rio Grande do Norte	2	9	5	9
Rondônia	39	81	8	24
Roraima	6	18	3	5
Rio Grande do Sul	22	51	16	35
Santa Catarina	127	228	45	87
Sergipe	1466	2960	407	946
São Paulo	355	626	65	167
Tocantins	132	279	37	61
Total	11.241	21.802	3.251	7.095

Anexo 9- Valores de Fis para cada população – Conjunto de Dados 1

Pop : AC

Fis estimates						

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps	

D10S1237	0.5057	0.0264	0.0494	0.0089	14630	switches
D12S391	0.6817	0.0286	-0.0215	-0.0183	9849	switches
D13S317	0.2805	0.0141	-0.0241	-0.0223	33004	switches
D16S539	0.8387	0.0104	-0.0064	-0.0065	33873	switches
D16S753	0.7880	0.0172	0.0124	-0.0058	16299	switches
D21S1437	0.6791	0.0160	-0.0143	-0.0056	28234	switches
D22S534	0.5303	0.0213	-0.0106	0.0037	10499	switches
D22S689	0.7251	0.0213	0.0356	0.0040	9832	switches
D2S1338	0.0157	0.0049	0.0476	0.0346	27828	switches
D3S1358	0.6175	0.0208	-0.0262	-0.0190	11642	switches
D3S2387	0.8401	0.0198	-0.0472	-0.0297	11240	switches
D3S2406	0.4494	0.0330	0.0284	0.0126	9248	switches
D5S2503	0.4463	0.0258	0.0323	0.0135	13140	switches
D5S818	0.6469	0.0215	0.0989	0.0167	10892	switches
D7S820	0.1502	0.0127	0.0475	0.0294	30363	switches
D9S938	0.7295	0.0138	-0.0013	-0.0096	31083	switches
SE33	0.4626	0.0391	-0.0282	-0.0170	4178	switches
THO1	0.9507	0.0045	0.0038	0.0028	36295	switches

Pop : AL

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.8754	0.0065	-0.0492	-0.0437	9852 switches
D12S391	0.9780	0.0040	-0.1613	-0.0893	3815 switches
D13S317	0.6738	0.0082	0.0261	-0.0083	13438 switches
D16S539	0.1865	0.0063	0.3905	0.3458	17444 switches
D16S753	0.5701	0.0112	0.0137	0.0111	7169 switches
D21S1437	0.0022	0.0010	0.4667	0.3033	7689 switches
D22S534	0.2055	0.0062	0.1667	0.0625	12923 switches
D22S689	0.1714	0.0106	0.2941	0.1556	5252 switches
D2S1338	0.8864	0.0069	-0.1228	-0.0893	7449 switches
D3S1358	0.1688	0.0073	0.0345	-0.0083	14457 switches
D3S2387	0.6105	0.0152	0.1111	0.1250	4577 switches
D3S2406	0.5091	0.0232	-0.0909	-0.0571	2521 switches
D5S2503	0.7183	0.0058	0.0857	0.0288	18247 switches
D5S818	0.1986	0.0018	1.0000	1.5000	19966 switches
D7S820	0.4704	0.0074	-0.2414	-0.2031	15882 switches
D9S938	0.8247	0.0066	-0.0435	-0.0521	11197 switches
SE33	0.1932	0.0190	0.1765	0.1019	2456 switches
THO1	0.8711	0.0048	0.1864	0.1510	15298 switches

Pop : AM

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.9434	0.0094	0.0342	0.0197	20795 switches
D12S391	0.5349	0.0342	-0.0080	-0.0056	8789 switches
D13S317	0.1942	0.0157	0.0072	0.0274	44154 switches
D16S539	0.6834	0.0136	-0.0302	-0.0073	45604 switches
D16S753	0.2353	0.0230	0.0077	0.0065	21229 switches
D21S1437	0.2046	0.0200	-0.0414	-0.0303	34297 switches
D22S534	0.4613	0.0273	0.0552	-0.0032	7373 switches
D22S689	0.6912	0.0280	-0.0221	-0.0137	7297 switches
D2S1338	0.0341	0.0089	-0.0105	-0.0012	26001 switches
D3S1358	0.3720	0.0185	0.0488	0.0287	43249 switches
D3S2387	0.5549	0.0338	-0.0091	-0.0006	9433 switches
D3S2406	0.0096	0.0034	0.0085	0.0023	22969 switches
D5S2503	0.1836	0.0218	-0.0120	-0.0172	18956 switches
D5S818	0.7000	0.0221	0.0252	0.0031	19004 switches
D7S820	0.1513	0.0138	-0.0346	-0.0262	35989 switches
D9S938	0.3316	0.0255	0.0141	-0.0021	19156 switches
SE33	0.0170	0.0070	0.0091	0.0005	3988 switches
THO1	0.0090	0.0026	0.0552	0.0400	27005 switches

Pop : AP

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	1.0000	0.0000	-0.0909	-0.0625	4334 switches
D12S391	1.0000	0.0000	-0.2121	-0.1000	4137 switches
D13S317	0.6932	0.0061	0.2500	0.1875	12239 switches
D16S539	-				
D16S753	1.0000	0.0000	-0.2500	-0.2500	14376 switches
D21S1437	1.0000	0.0000	-0.2000	-0.1667	6866 switches
D22S534	1.0000	0.0000	0.0769	0.0688	18112 switches
D22S689	0.4828	0.0114	0.1818	0.1667	5854 switches
D2S1338	1.0000	0.0000	-0.0811	-0.0625	3059 switches
D3S1358	0.0451	0.0033	0.5152	0.3750	12409 switches
D3S2387	1.0000	0.0000	-0.1429	-0.1000	4757 switches
D3S2406	0.7915	0.0110	0.0588	0.0125	4060 switches
D5S2503	1.0000	0.0000	-0.0909	-0.0625	4461 switches
D5S818	0.0634	0.0050	0.3333	0.3125	7897 switches
D7S820	0.8560	0.0066	0.0588	0.0312	7554 switches
D9S938	0.6748	0.0080	-0.1765	-0.1562	7886 switches
SE33	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	2655 switches
THO1	0.6902	0.0085	0.0857	0.1250	7862 switches

Pop : BA

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.0038	0.0026	0.0384	0.0134	11088 switches
D12S391	0.2709	0.0336	-0.0016	0.0039	10793 switches
D13S317	0.0103	0.0026	0.0025	0.0131	53436 switches
D16S539	0.3323	0.0261	0.0043	0.0158	31318 switches
D16S753	0.0002	0.0001	0.0075	0.0268	28369 switches
D21S1437	0.6119	0.0291	0.0197	0.0107	47504 switches
D22S534	0.0076	0.0026	0.0256	0.0125	12448 switches
D22S689	0.3831	0.0338	0.0054	-0.0014	17620 switches
D2S1338	0.6207	0.0344	0.0119	0.0037	31813 switches
D3S1358	0.1025	0.0135	0.0309	0.0121	22054 switches
D3S2387	0.0123	0.0070	0.0228	0.0216	18104 switches
D3S2406	0.9573	0.0098	0.0162	0.0055	18144 switches
D5S2503	0.9592	0.0078	0.0167	0.0034	29330 switches
D5S818	0.4079	0.0307	0.0125	0.0017	17960 switches
D7S820	0.0173	0.0045	0.0357	0.0247	37728 switches
D9S938	0.2853	0.0303	0.0042	-0.0023	26106 switches
SE33	0.1187	0.0318	0.0149	0.0092	3911 switches
THO1	0.0805	0.0148	0.0099	0.0048	34897 switches

Pop : CE

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.0612	0.0127	0.0253	0.0060	8846 switches
D12S391	0.9382	0.0111	-0.0072	0.0035	15683 switches
D13S317	0.6086	0.0212	-0.0019	-0.0067	26724 switches
D16S539	0.8951	0.0079	0.0302	0.0157	41646 switches
D16S753	0.2158	0.0219	-0.0018	0.0025	17787 switches
D21S1437	0.0305	0.0068	0.0052	-0.0049	29657 switches
D22S534	0.7668	0.0173	0.0152	0.0051	18944 switches
D22S689	0.5075	0.0311	-0.0410	-0.0203	9304 switches
D2S1338	0.4711	0.0278	-0.0048	-0.0074	23070 switches
D3S1358	0.2788	0.0237	0.0378	0.0202	13440 switches
D3S2387	0.1144	0.0211	0.0019	-0.0011	9102 switches
D3S2406	0.1982	0.0245	0.0058	0.0451	19230 switches
D5S2503	0.2857	0.0194	-0.0228	-0.0222	27206 switches
D5S818	0.0010	0.0006	0.0868	0.0693	12986 switches
D7S820	0.6977	0.0179	0.0057	-0.0037	40210 switches
D9S938	0.4556	0.0201	0.0273	0.0145	53594 switches
SE33	0.1444	0.0256	0.0259	0.0193	5920 switches
THO1	0.1180	0.0117	0.0352	0.1587	49013 switches

Pop : ES

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.0474	0.0140	0.0219	0.0110	9831 switches
D12S391	0.2568	0.0313	0.0028	0.0016	24059 switches
D13S317	0.1425	0.0164	0.0185	0.0071	51480 switches
D16S539	0.8345	0.0209	0.0078	0.0065	26628 switches
D16S753	0.3037	0.0271	-0.0123	-0.0054	28277 switches
D21S1437	0.0574	0.0134	0.0070	0.0225	27843 switches
D22S534	0.2961	0.0263	-0.0026	-0.0018	13524 switches
D22S689	0.3184	0.0290	0.0094	0.0099	13054 switches
D2S1338	0.0234	0.0094	0.0015	0.0028	34869 switches
D3S1358	0.3190	0.0277	0.0397	0.0116	26065 switches
D3S2387	0.0688	0.0171	0.0199	0.0042	16750 switches
D3S2406	0.8251	0.0248	0.0226	0.0120	13066 switches
D5S2503	0.0307	0.0074	0.0325	0.0396	19841 switches
D5S818	0.0519	0.0096	0.0172	0.0249	17140 switches
D7S820	0.5158	0.0281	0.0086	0.0130	33151 switches
D9S938	0.1546	0.0228	0.0161	0.0053	13248 switches
SE33	0.5781	0.0479	-0.0018	0.0017	5879 switches
THO1	0.3310	0.0298	-0.0051	-0.0047	43929 switches

Pop : GO

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.2803	0.0301	0.0516	0.0305	9991 switches
D12S391	0.9605	0.0099	-0.0050	-0.0076	14119 switches
D13S317	0.2962	0.0173	0.0210	0.0024	62316 switches
D16S539	0.6471	0.0198	-0.0080	-0.0167	30609 switches
D16S753	0.8277	0.0168	0.0227	0.0090	24830 switches
D21S1437	0.8222	0.0160	0.0011	0.0060	29359 switches
D22S534	0.6916	0.0227	0.0744	0.0288	12314 switches
D22S689	0.0753	0.0122	-0.0158	-0.0128	9651 switches
D2S1338	0.8322	0.0198	0.0016	-0.0010	28440 switches
D3S1358	0.2647	0.0211	-0.0642	-0.0206	23682 switches
D3S2387	0.6221	0.0369	0.0126	-0.0014	6580 switches
D3S2406	0.4182	0.0338	0.0084	0.0098	11123 switches
D5S2503	0.3843	0.0284	0.0264	0.0161	13194 switches
D5S818	0.4215	0.0250	-0.0419	-0.0232	12324 switches
D7S820	0.6829	0.0173	0.0091	0.0080	38526 switches
D9S938	0.6827	0.0222	-0.0286	-0.0213	22122 switches
SE33	0.7168	0.0367	0.0009	0.0010	5834 switches
THO1	0.6317	0.0188	-0.0033	0.0006	48856 switches

Pop : MA

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.9824	0.0044	0.0160	0.0183	15202 switches
D12S391	0.7699	0.0279	-0.0022	0.0041	13134 switches
D13S317	0.1920	0.0173	0.0170	0.0151	38855 switches
D16S539	0.6478	0.0158	0.0093	-0.0037	35549 switches
D16S753	0.4279	0.0282	0.0162	-0.0034	12426 switches
D21S1437	0.5559	0.0219	-0.0286	-0.0175	36024 switches
D22S534	0.1473	0.0145	0.0175	0.1037	19733 switches
D22S689	0.2416	0.0233	0.0232	-0.0023	7313 switches
D2S1338	0.0985	0.0122	-0.0000	-0.0001	48263 switches
D3S1358	0.9880	0.0026	-0.0099	-0.0052	23088 switches
D3S2387	0.6833	0.0333	-0.0191	-0.0059	5846 switches
D3S2406	0.3525	0.0307	0.0311	0.0263	13516 switches
D5S2503	0.9239	0.0095	-0.0324	-0.0103	23548 switches
D5S818	0.4870	0.0285	0.0270	0.0614	9513 switches
D7S820	0.2338	0.0180	-0.0323	-0.0015	26229 switches
D9S938	0.6052	0.0185	0.0194	0.0177	33289 switches
SE33	0.0390	0.0150	0.0166	0.0031	3563 switches
THO1	0.0527	0.0071	0.0155	0.1412	47523 switches

Pop : MG

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.0830	0.0178	-0.0058	-0.0021	12139 switches
D12S391	0.7093	0.0325	-0.0039	-0.0015	15432 switches
D13S317	0.0223	0.0084	0.0444	0.0262	29701 switches
D16S539	0.4763	0.0273	0.0218	0.0057	24417 switches
D16S753	0.0831	0.0179	-0.0046	-0.0124	19701 switches
D21S1437	0.0828	0.0122	0.0119	0.0013	33398 switches
D22S534	0.1918	0.0228	0.0132	0.0285	10226 switches
D22S689	0.6664	0.0302	-0.0054	-0.0018	14612 switches
D2S1338	0.0832	0.0171	0.0148	0.0131	32549 switches
D3S1358	0.3365	0.0243	0.0218	0.0085	17260 switches
D3S2387	0.0428	0.0153	0.0117	0.0491	8516 switches
D3S2406	0.2792	0.0321	0.0163	0.0125	18349 switches
D5S2503	0.8774	0.0170	0.0113	0.0007	16346 switches
D5S818	0.0073	0.0050	-0.0431	0.0034	13664 switches
D7S820	0.8163	0.0165	0.0071	0.0019	46092 switches
D9S938	0.1289	0.0201	0.0225	0.0113	20869 switches
SE33	0.2587	0.0390	0.0206	0.0111	3922 switches
THO1	0.0036	0.0016	0.0377	0.0585	43043 switches

Pop : MS

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.7672	0.0204	-0.0256	-0.0155	3780 switches
D12S391	0.9661	0.0060	-0.0000	-0.0155	5479 switches
D13S317	0.1627	0.0081	0.0570	0.0966	21333 switches
D16S539	1.0000	0.0000	-0.0769	-0.0492	7713 switches
D16S753	0.5429	0.0104	0.0191	0.1142	24375 switches
D21S1437	0.9304	0.0066	0.0809	0.0260	8439 switches
D22S534	0.6749	0.0111	-0.1457	-0.1048	14530 switches
D22S689	0.0822	0.0091	0.1152	0.0245	3637 switches
D2S1338	0.8288	0.0181	0.0363	0.0010	5149 switches
D3S1358	0.8796	0.0040	-0.0270	-0.0412	37029 switches
D3S2387	0.9941	0.0024	-0.0455	-0.0305	3617 switches
D3S2406	0.7490	0.0160	-0.0624	-0.0482	5353 switches
D5S2503	0.1576	0.0087	0.2241	0.2238	17123 switches
D5S818	0.7988	0.0102	0.0323	-0.0080	9025 switches
D7S820	0.2126	0.0086	-0.0943	-0.0550	21394 switches
D9S938	0.8473	0.0058	-0.0526	-0.0197	19897 switches
SE33	0.0524	0.0139	0.0721	0.0288	1586 switches
THO1	0.8205	0.0046	0.0093	-0.0055	39380 switches

Pop : MT

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.3599	0.0238	0.0452	0.0177	11368 switches
D12S391	0.3205	0.0263	0.0407	0.0141	15037 switches
D13S317	0.4150	0.0163	0.0522	0.0627	52565 switches
D16S539	0.1976	0.0140	0.0417	0.0262	19495 switches
D16S753	0.7377	0.0220	0.0357	0.0390	15219 switches
D21S1437	0.5485	0.0197	0.0125	0.0246	24639 switches
D22S534	0.8045	0.0105	0.0052	-0.0113	29207 switches
D22S689	0.7084	0.0200	-0.0143	0.0037	14545 switches
D2S1338	0.0579	0.0102	0.0571	0.0473	21528 switches
D3S1358	0.1610	0.0139	-0.0461	-0.0215	17823 switches
D3S2387	0.6976	0.0313	0.0023	-0.0043	6948 switches
D3S2406	0.0706	0.0149	0.0638	0.0287	10028 switches
D5S2503	0.1849	0.0173	0.0510	0.0331	18643 switches
D5S818	0.4284	0.0189	0.0231	0.0209	17017 switches
D7S820	0.4835	0.0201	0.0118	0.0029	22705 switches
D9S938	0.1146	0.0106	0.0036	0.0212	29441 switches
SE33	0.2769	0.0351	0.0224	0.0214	4118 switches
THO1	0.4068	0.0128	0.0324	0.0288	44709 switches

Pop : PA

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.5774	0.0196	0.0520	0.0541	17149 switches
D12S391	0.3936	0.0272	-0.0011	-0.0172	11624 switches
D13S317	0.5302	0.0169	-0.0338	-0.0118	21208 switches
D16S539	0.1188	0.0075	0.0778	0.0302	29827 switches
D16S753	0.0115	0.0032	0.0817	0.0894	29856 switches
D21S1437	0.1270	0.0165	0.0296	-0.0073	12592 switches
D22S534	0.0109	0.0019	0.2121	0.1064	23649 switches
D22S689	0.6216	0.0187	0.0549	0.0343	10467 switches
D2S1338	0.5581	0.0171	-0.0221	-0.0248	28033 switches
D3S1358	0.3967	0.0130	-0.1171	-0.0921	27428 switches
D3S2387	0.2307	0.0270	0.0598	0.0300	3936 switches
D3S2406	0.8638	0.0161	-0.0082	-0.0088	12855 switches
D5S2503	0.9040	0.0106	-0.0404	-0.0326	13013 switches
D5S818	0.5242	0.0193	0.0548	0.0096	10060 switches
D7S820	0.3812	0.0130	0.0662	0.0369	32099 switches
D9S938	0.1989	0.0112	-0.0745	-0.0632	38941 switches
SE33	0.1767	0.0300	-0.0140	0.0006	3285 switches
THO1	0.8913	0.0067	-0.0442	-0.0440	33218 switches

Pop : PB

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.6460	0.0267	0.0197	0.0010	14105 switches
D12S391	0.5535	0.0279	-0.0019	0.0039	12440 switches
D13S317	0.5767	0.0170	0.0197	0.0005	31191 switches
D16S539	0.9013	0.0070	0.0056	-0.0096	36716 switches
D16S753	0.9260	0.0116	0.0273	-0.0031	10782 switches
D21S1437	0.5078	0.0190	0.0395	0.0060	25533 switches
D22S534	0.4212	0.0213	-0.0237	-0.0301	17998 switches
D22S689	0.3110	0.0195	-0.0201	-0.0148	18708 switches
D2S1338	0.4850	0.0214	0.0002	0.0011	27478 switches
D3S1358	0.7275	0.0155	0.0524	0.0434	27417 switches
D3S2387	0.8560	0.0240	-0.0377	-0.0180	6782 switches
D3S2406	0.3910	0.0293	0.0457	0.0242	17760 switches
D5S2503	0.5608	0.0273	-0.0045	0.0036	9672 switches
D5S818	0.3252	0.0201	0.0531	0.0193	11743 switches
D7S820	0.7835	0.0145	0.0332	0.0126	23154 switches
D9S938	0.0456	0.0065	-0.0352	-0.0215	42381 switches
SE33	0.0356	0.0120	0.0301	0.0316	5359 switches
THO1	0.0327	0.0092	-0.0340	-0.0245	16805 switches

Pop : PE

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.4657	0.0360	0.0124	0.0037	7400 switches
D12S391	0.3282	0.0300	0.0038	-0.0042	16339 switches
D13S317	0.0718	0.0088	0.0467	0.0490	65515 switches
D16S539	0.1524	0.0149	0.0272	0.0375	29644 switches
D16S753	0.7779	0.0236	-0.0128	-0.0104	17376 switches
D21S1437	0.7503	0.0196	0.0087	0.0004	38362 switches
D22S534	0.3512	0.0261	0.0352	0.0088	13757 switches
D22S689	0.5064	0.0314	0.0160	-0.0076	9848 switches
D2S1338	0.6336	0.0255	0.0182	0.0193	33364 switches
D3S1358	0.9799	0.0045	0.0068	0.0014	14588 switches
D3S2387	0.8814	0.0240	-0.0112	-0.0078	6463 switches
D3S2406	0.1842	0.0242	-0.0045	0.0130	16276 switches
D5S2503	0.1068	0.0146	0.0173	0.0117	26522 switches
D5S818	0.2003	0.0208	0.0126	0.0160	13102 switches
D7S820	0.0147	0.0042	0.0500	0.0315	21835 switches
D9S938	0.1226	0.0147	0.0058	0.0154	23732 switches
SE33	0.3649	0.0427	0.0124	0.0072	3804 switches
THO1	0.0535	0.0094	-0.0541	-0.0363	31981 switches

Pop : PI

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.8961	0.0155	-0.0099	-0.0003	11386 switches
D12S391	0.1588	0.0224	0.0176	0.0098	12780 switches
D13S317	0.0060	0.0022	0.0620	0.0704	34881 switches
D16S539	0.2525	0.0155	-0.0522	-0.0387	35544 switches
D16S753	0.7722	0.0241	0.0432	0.0322	10977 switches
D21S1437	0.2527	0.0178	-0.0129	-0.0213	33453 switches
D22S534	0.3406	0.0139	0.0475	0.0353	41800 switches
D22S689	0.9477	0.0100	0.0213	-0.0045	9913 switches
D2S1338	0.0902	0.0116	0.0253	0.0158	45266 switches
D3S1358	0.1043	0.0139	-0.0121	0.0019	14862 switches
D3S2387	0.1376	0.0278	0.0272	0.0093	4747 switches
D3S2406	0.1342	0.0218	0.0120	0.0031	12427 switches
D5S2503	0.6051	0.0250	-0.0092	0.0212	15692 switches
D5S818	0.1522	0.0239	0.0008	0.0524	6170 switches
D7S820	0.5948	0.0169	0.0347	0.0234	45443 switches
D9S938	0.8388	0.0162	-0.0094	-0.0072	27951 switches
SE33	0.7527	0.0324	0.0052	0.0014	3778 switches
THO1	0.3727	0.0184	0.0035	0.0041	39163 switches

Pop : PR

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.0500	0.0128	0.0785	0.0414	14094 switches
D12S391	0.8736	0.0190	0.0182	0.0056	19587 switches
D13S317	0.8334	0.0141	0.0149	0.0067	38942 switches
D16S539	0.8085	0.0168	0.0079	0.0028	17093 switches
D16S753	0.5452	0.0271	-0.0104	-0.0102	15500 switches
D21S1437	0.3487	0.0227	0.0367	0.0290	29571 switches
D22S534	0.0571	0.0081	0.0468	0.0075	28437 switches
D22S689	0.1390	0.0162	0.0125	0.0049	15623 switches
D2S1338	0.6376	0.0288	0.0008	-0.0027	23446 switches
D3S1358	0.6776	0.0243	-0.0103	-0.0133	20341 switches
D3S2387	0.0171	0.0095	-0.0044	0.0041	6300 switches
D3S2406	0.3471	0.0298	0.0150	0.0029	17009 switches
D5S2503	0.9848	0.0047	0.0294	0.0087	13556 switches
D5S818	0.0928	0.0104	-0.0030	0.0302	19336 switches
D7S820	0.5934	0.0219	0.0290	0.0115	33477 switches
D9S938	0.3906	0.0228	0.0235	0.0198	22611 switches
SE33	0.1990	0.0347	0.0091	0.0031	3782 switches
THO1	0.2699	0.0207	0.0116	0.0113	32208 switches

Pop : RJ

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.5278	0.0256	0.0916	0.0604	4016 switches
D12S391	0.2083	0.0296	-0.0054	-0.0284	3621 switches
D13S317	0.9988	0.0005	-0.0378	-0.0412	7201 switches
D16S539	0.6700	0.0137	0.1072	0.0946	8639 switches
D16S753	0.8285	0.0095	-0.0467	-0.0437	8228 switches
D21S1437	0.3452	0.0216	0.0523	0.0709	5923 switches
D22S534	0.2113	0.0113	0.0365	0.0613	9110 switches
D22S689	0.7527	0.0077	0.0258	0.0505	14140 switches
D2S1338	0.5052	0.0265	0.0118	0.0140	4387 switches
D3S1358	0.3539	0.0087	0.0516	-0.0047	26274 switches
D3S2387	0.0150	0.0059	0.2242	0.1894	3882 switches
D3S2406	0.3109	0.0209	0.1449	0.0923	5726 switches
D5S2503	0.7690	0.0106	-0.0390	-0.0217	10034 switches
D5S818	0.1764	0.0098	0.1220	0.1667	10858 switches
D7S820	0.0665	0.0075	0.1178	0.0127	12441 switches
D9S938	0.2978	0.0139	0.0210	-0.0028	12043 switches
SE33	0.8079	0.0297	0.0134	-0.0070	1423 switches
THO1	0.8719	0.0039	0.0186	0.0394	35839 switches

Pop : RN

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	-				
D12S391	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	5601 switches
D13S317	-				
D16S539	1.0000	0.0000	-0.3333	-0.2500	7474 switches
D16S753	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	5600 switches
D21S1437	1.0000	0.0000	-0.3333	-0.2500	7254 switches
D22S534	0.3278	0.0045	0.5000	0.5000	7464 switches
D22S689	1.0000	0.0000	-0.3333	-0.2500	7411 switches
D2S1338	0.3250	0.0043	0.5000	0.5000	7333 switches
D3S1358	1.0000	0.0000	-1.0000	-1.0000	33223 switches
D3S2387	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	5545 switches
D3S2406	-				
D5S2503	1.0000	0.0000	-0.3333	-0.2500	7366 switches
D5S818	1.0000	0.0000	-0.3333	-0.2500	7294 switches
D7S820	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	5610 switches
D9S938	1.0000	0.0000	-0.3333	-0.2500	7344 switches
SE33	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	5643 switches
THO1	-				

Pop : RO

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.6654	0.0203	0.0318	0.0236	6880 switches
D12S391	0.8462	0.0151	-0.0319	-0.0335	8167 switches
D13S317	0.7932	0.0101	-0.0105	-0.0263	18467 switches
D16S539	0.8699	0.0079	0.1406	0.1399	8884 switches
D16S753	0.1456	0.0155	0.0028	-0.0180	6852 switches
D21S1437	0.8321	0.0110	-0.0034	-0.0050	14237 switches
D22S534	0.2704	0.0060	0.2334	0.2676	32236 switches
D22S689	0.1013	0.0106	-0.0786	-0.0591	8807 switches
D2S1338	0.0879	0.0101	0.1982	0.1481	13483 switches
D3S1358	0.2600	0.0131	-0.1506	-0.0947	12134 switches
D3S2387	0.3453	0.0372	0.0154	0.0026	1957 switches
D3S2406	0.4881	0.0297	0.0866	0.0551	4151 switches
D5S2503	0.7860	0.0077	0.0254	-0.0020	30397 switches
D5S818	0.0187	0.0025	0.1538	0.1896	16749 switches
D7S820	0.1938	0.0136	0.0254	0.0475	17720 switches
D9S938	0.0735	0.0062	0.2358	0.1602	18157 switches
SE33	0.9743	0.0124	-0.0228	-0.0180	1150 switches
THO1	0.5720	0.0080	-0.1214	-0.1114	48757 switches

Pop : RR

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.0707	0.0091	0.4000	0.2027	4492 switches
D12S391	0.0465	0.0052	-0.3636	-0.1750	7155 switches
D13S317	1.0000	0.0000	-0.0638	-0.0650	7803 switches
D16S539	1.0000	0.0000	-0.1429	-0.1250	5978 switches
D16S753	0.6245	0.0166	-0.1111	-0.0833	3905 switches
D21S1437	0.9013	0.0078	0.0196	-0.0100	5312 switches
D22S534	0.3481	0.0073	0.0698	-0.0222	11465 switches
D22S689	0.0612	0.0043	-0.3333	-0.2222	10330 switches
D2S1338	0.8854	0.0094	0.0000	-0.0100	2988 switches
D3S1358	0.9439	0.0041	0.0000	-0.0375	9218 switches
D3S2387	1.0000	0.0000	-0.0714	-0.0571	2623 switches
D3S2406	0.3360	0.0051	0.5000	0.5000	7298 switches
D5S2503	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	5500 switches
D5S818	-				
D7S820	1.0000	0.0000	-0.0811	-0.0467	18960 switches
D9S938	0.7756	0.0065	-0.0417	-0.0375	8385 switches
SE33	1.0000	0.0000	-0.0909	-0.0571	2465 switches
THO1	1.0000	0.0000	-0.2766	-0.2667	18137 switches

Pop : RS

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.4138	0.0233	0.0909	0.0879	4658 switches
D12S391	0.6454	0.0241	-0.0769	-0.0427	3814 switches
D13S317	0.2511	0.0145	0.0332	0.1235	10789 switches
D16S539	0.0253	0.0022	0.2471	0.2473	20705 switches
D16S753	0.7588	0.0130	-0.0608	0.0054	8858 switches
D21S1437	0.6045	0.0228	-0.0377	-0.0249	4445 switches
D22S534	0.7631	0.0072	-0.2280	-0.1661	22335 switches
D22S689	0.1991	0.0082	0.0968	0.0625	10154 switches
D2S1338	0.5480	0.0239	-0.0540	-0.0103	4257 switches
D3S1358	0.3767	0.0138	0.0266	0.0168	9690 switches
D3S2387	0.6690	0.0263	-0.1127	-0.0570	3660 switches
D3S2406	0.2437	0.0259	0.0022	0.0046	2553 switches
D5S2503	0.9413	0.0041	-0.0877	-0.0678	11613 switches
D5S818	0.8053	0.0121	-0.1379	-0.0688	4816 switches
D7S820	0.0923	0.0097	0.1475	0.0799	11231 switches
D9S938	0.4386	0.0077	0.0240	0.0797	25840 switches
SE33	0.0303	0.0126	0.1648	0.1310	1111 switches
THO1	0.0575	0.0045	0.1102	0.1774	16719 switches

Pop : SC

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.5893	0.0245	-0.0152	-0.0285	16463 switches
D12S391	0.1158	0.0220	-0.0177	0.0664	7482 switches
D13S317	0.7248	0.0121	0.0213	0.0299	45087 switches
D16S539	0.5448	0.0168	0.0253	-0.0090	22393 switches
D16S753	0.1861	0.0161	-0.0654	-0.0206	17283 switches
D21S1437	0.8179	0.0152	0.0308	0.0314	15285 switches
D22S534	0.0925	0.0111	-0.0702	-0.0267	12364 switches
D22S689	0.1536	0.0121	-0.0239	-0.0071	17774 switches
D2S1338	0.3220	0.0253	0.0020	0.0116	15204 switches
D3S1358	0.5476	0.0176	0.0002	-0.0068	21879 switches
D3S2387	0.1365	0.0200	0.0578	0.0211	6461 switches
D3S2406	0.4606	0.0293	0.0342	0.0143	10113 switches
D5S2503	0.6321	0.0114	-0.0685	-0.0543	48351 switches
D5S818	0.1805	0.0155	0.0760	0.0136	11108 switches
D7S820	0.8696	0.0103	0.0014	-0.0088	23398 switches
D9S938	0.4141	0.0232	0.0205	0.0097	11471 switches
SE33	0.0670	0.0180	0.0358	0.0221	3173 switches
THO1	0.8866	0.0054	0.0522	0.0468	64026 switches

Pop : SE

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.8396	0.0250	0.0062	0.0029	11540 switches
D12S391	0.2638	0.0334	0.0200	0.0107	14685 switches
D13S317	0.2772	0.0275	0.0276	0.0184	33950 switches
D16S539	0.0013	0.0006	0.0354	0.0406	45838 switches
D16S753	0.0199	0.0075	-0.0088	0.0087	32004 switches
D21S1437	0.3993	0.0286	-0.0004	0.0063	26615 switches
D22S534	0.0145	0.0052	0.0141	0.0066	13248 switches
D22S689	0.2933	0.0261	-0.0053	-0.0066	16038 switches
D2S1338	0.3722	0.0377	0.0056	-0.0005	31954 switches
D3S1358	0.5261	0.0297	-0.0123	0.0024	24168 switches
D3S2387	0.1989	0.0331	0.0234	0.0083	9648 switches
D3S2406	0.5503	0.0365	-0.0082	-0.0045	16504 switches
D5S2503	0.0083	0.0054	0.0101	-0.0008	12783 switches
D5S818	0.1261	0.0140	0.0220	0.0243	35338 switches
D7S820	0.0066	0.0024	0.0230	0.0265	51170 switches
D9S938	0.6022	0.0278	-0.0074	-0.0029	45226 switches
SE33	0.0000	0.0000	0.0091	0.0030	6298 switches
THO1	0.1863	0.0256	0.0126	0.0265	19656 switches

Pop : SP

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.6873	0.0272	0.0244	0.0105	11197 switches
D12S391	0.3844	0.0350	0.0104	-0.0012	12967 switches
D13S317	0.4707	0.0171	-0.0064	-0.0004	59954 switches
D16S539	0.3890	0.0170	-0.0013	-0.0057	29108 switches
D16S753	0.3735	0.0246	0.0091	0.0408	26420 switches
D21S1437	0.5146	0.0252	0.0283	0.0165	19578 switches
D22S534	0.1275	0.0142	0.0717	0.0210	15062 switches
D22S689	0.2505	0.0266	0.0268	0.0025	8482 switches
D2S1338	0.4754	0.0276	-0.0208	0.0693	29753 switches
D3S1358	0.0148	0.0037	-0.0289	-0.0070	30877 switches
D3S2387	0.0618	0.0197	0.0234	0.0072	4266 switches
D3S2406	0.9842	0.0076	0.0037	0.0004	12335 switches
D5S2503	0.2495	0.0197	0.0250	0.0072	21522 switches
D5S818	0.0327	0.0058	0.0536	0.0156	15005 switches
D7S820	0.3007	0.0203	0.0130	0.0316	32863 switches
D9S938	0.9336	0.0099	-0.0325	-0.0207	19364 switches
SE33	0.5664	0.0412	0.0133	0.0098	6079 switches
THO1	0.5023	0.0244	-0.0043	-0.0058	30255 switches

Pop : TO

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.9982	0.0008	-0.0058	0.0048	16464 switches
D12S391	0.9853	0.0038	-0.0194	-0.0246	13274 switches
D13S317	0.7014	0.0123	0.0591	0.0300	35809 switches
D16S539	0.1379	0.0099	0.0965	0.0482	18885 switches
D16S753	0.6956	0.0206	-0.0209	0.0128	8256 switches
D21S1437	0.5104	0.0223	-0.0305	-0.0159	20741 switches
D22S534	0.7804	0.0105	0.0223	0.0298	24866 switches
D22S689	0.4110	0.0238	-0.0239	-0.0120	12566 switches
D2S1338	0.9456	0.0063	0.0100	0.0112	30941 switches
D3S1358	0.0626	0.0077	0.0563	0.0217	21138 switches
D3S2387	0.0271	0.0095	0.0353	0.0312	6779 switches
D3S2406	0.6491	0.0303	-0.0019	-0.0106	6102 switches
D5S2503	0.2465	0.0205	0.1071	0.0480	11404 switches
D5S818	0.5691	0.0258	-0.0586	-0.0139	6580 switches
D7S820	0.4029	0.0199	0.0232	0.0101	22468 switches
D9S938	0.8050	0.0093	0.0373	0.0203	34790 switches
SE33	0.3509	0.0368	0.0030	0.0006	4173 switches
THO1	0.3120	0.0107	-0.0156	-0.0204	64473 switches

Anexo 10 - Valores de Fis para cada população – Conjunto de Dados 2

Pop : AC

```

-----
                Fis estimates
                -----
locus   P-val  S.E.  W&C   R&H   Steps
-----
D10S1237  0.4921  0.0252  0.0344  0.0156  15637 switches
D12S391   0.0462  0.0101 -0.0183 -0.0171  15575 switches
D13S317   0.2426  0.0170  0.0154  0.0000  25627 switches
D16S753   0.7881  0.0187  0.0142 -0.0042  15819 switches
D21S1437  0.0775  0.0100  0.0358  0.0133  28148 switches
D22S534   0.2024  0.0182 -0.0141  0.0067  16187 switches
D2S1338   0.1777  0.0210  0.0379  0.0239  21659 switches
D3S1358   0.9864  0.0030  0.0068 -0.0007  14403 switches
D3S2387   0.5652  0.0358 -0.0127 -0.0076  10094 switches
D3S2406   0.3998  0.0312  0.0154  0.0182  12484 switches
D5S2503   0.5816  0.0299  0.0219  0.0115  11972 switches
D7S820    0.2044  0.0172  0.0454  0.0205  31313 switches
D9S938    0.9388  0.0061  0.0079  0.0024  42309 switches
SE33      0.0379  0.0165 -0.0054 -0.0021  5164 switches
TH01      0.9690  0.0058  0.0049 -0.0010  26076 switches
    
```


Pop : AL

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.8669	0.0076	0.0535	0.0357	11130 switches
D12S391	0.8780	0.0088	-0.0927	-0.0864	11403 switches
D13S317	0.7785	0.0100	-0.0588	-0.0566	10576 switches
D16S753	0.3094	0.0142	0.0476	-0.0278	7427 switches
D21S1437	0.2266	0.0101	0.1917	0.1243	13791 switches
D22S534	0.1552	0.0066	0.0640	0.0363	19285 switches
D2S1338	0.0796	0.0119	-0.0775	0.0453	4221 switches
D3S1358	0.1080	0.0058	-0.0286	-0.0132	19350 switches
D3S2387	0.5936	0.0263	-0.0050	0.0500	2820 switches
D3S2406	0.2199	0.0133	-0.0629	-0.0357	8030 switches
D5S2503	0.7128	0.0108	0.0806	0.0294	12036 switches
D7S820	0.7295	0.0054	-0.0549	-0.0283	30979 switches
D9S938	0.6595	0.0101	0.0088	-0.0161	13592 switches
SE33	0.4027	0.0362	0.0512	0.0171	1208 switches
TH01	0.7964	0.0046	0.1429	0.1233	32479 switches

Pop : AM

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.8990	0.0183	0.0274	0.0129	19155 switches
D12S391	0.2821	0.0297	0.0036	0.0118	9281 switches
D13S317	0.0459	0.0104	0.0295	0.0923	53566 switches
D16S753	0.5806	0.0267	0.0023	0.0020	19628 switches
D21S1437	0.6542	0.0233	-0.0270	-0.0149	41687 switches
D22S534	0.6578	0.0241	0.0181	-0.0055	10841 switches
D2S1338	0.0539	0.0148	-0.0037	-0.0007	18963 switches
D3S1358	0.4172	0.0290	0.0178	0.0021	20466 switches
D3S2387	0.2009	0.0332	-0.0121	-0.0027	8090 switches
D3S2406	0.0326	0.0102	0.0103	0.0058	16888 switches
D5S2503	0.1055	0.0193	-0.0008	0.0253	18738 switches
D7S820	0.4180	0.0226	0.0139	0.0169	45265 switches
D9S938	0.3552	0.0268	0.0300	0.0071	15843 switches
SE33	0.2737	0.0380	0.0048	0.0007	5107 switches
TH01	0.2434	0.0233	0.0170	0.0140	32299 switches

Pop : AP

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.5281	0.0202	-0.0249	-0.0278	3681 switches
D12S391	0.6300	0.0176	0.0407	0.0398	5630 switches
D13S317	0.7083	0.0122	-0.0136	-0.0289	9475 switches
D16S753	1.0000	0.0000	-0.0909	-0.0972	21401 switches
D21S1437	0.5033	0.0129	0.1468	0.0875	12363 switches
D22S534	1.0000	0.0000	-0.0549	-0.0277	6310 switches
D2S1338	0.8903	0.0098	-0.1193	-0.0977	7757 switches
D3S1358	0.2521	0.0089	0.1287	0.0497	18352 switches
D3S2387	1.0000	0.0000	-0.0769	-0.0521	2247 switches
D3S2406	0.8784	0.0132	-0.0343	-0.0383	3316 switches
D5S2503	0.3892	0.0163	0.1111	0.0625	6226 switches
D7S820	0.2689	0.0133	0.0024	-0.0234	7311 switches
D9S938	0.8383	0.0063	-0.1137	-0.0817	15283 switches
SE33	1.0000	0.0000	-0.0396	-0.0252	683 switches (low!)
TH01	0.0438	0.0033	0.0833	0.0616	25102 switches

Pop : BA

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.0017	0.0017	0.0352	0.0116	13133 switches
D12S391	0.3133	0.0358	0.0014	0.0026	13288 switches
D13S317	0.0017	0.0013	0.0183	0.0170	36250 switches
D16S753	0.0000	0.0000	0.0052	0.0086	20964 switches
D21S1437	0.2875	0.0305	0.0164	0.0082	29483 switches
D22S534	0.0002	0.0002	0.0285	0.0198	8659 switches
D2S1338	0.4325	0.0375	0.0150	0.0070	30022 switches
D3S1358	0.4714	0.0341	0.0129	0.0065	18954 switches
D3S2387	0.0115	0.0073	0.0150	0.0137	15972 switches
D3S2406	0.5814	0.0396	0.0138	0.0045	11058 switches
D5S2503	0.3066	0.0218	0.0140	0.0103	35049 switches
D7S820	0.0026	0.0026	0.0352	0.0245	27504 switches
D9S938	0.7717	0.0261	0.0068	0.0004	32588 switches
SE33	0.0031	0.0025	0.0147	0.0079	4273 switches
TH01	0.1316	0.0253	0.0108	0.0047	24039 switches

Pop : CE

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.0325	0.0119	0.0294	0.0140	8859 switches
D12S391	0.6822	0.0305	-0.0029	0.0012	19975 switches
D13S317	0.4911	0.0278	-0.0201	-0.0148	28661 switches
D16S753	0.0430	0.0083	-0.0019	0.0041	24256 switches
D21S1437	0.0510	0.0107	0.0187	0.0054	25740 switches
D22S534	0.1970	0.0181	0.0519	0.0362	24686 switches
D2S1338	0.2158	0.0257	0.0209	0.0181	30309 switches
D3S1358	0.3563	0.0287	0.0169	0.0086	15401 switches
D3S2387	0.0803	0.0205	0.0151	0.0169	9106 switches
D3S2406	0.2246	0.0284	0.0113	0.0398	14686 switches
D5S2503	0.1831	0.0252	0.0204	0.0082	21592 switches
D7S820	0.3728	0.0218	0.0359	0.0203	47368 switches
D9S938	0.3206	0.0194	0.0258	0.0096	39461 switches
SE33	0.1569	0.0304	0.0229	0.0105	5547 switches
TH01	0.0698	0.0122	0.0088	0.0507	21026 switches

Pop : ES

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.0494	0.0147	0.0243	0.0090	10993 switches
D12S391	0.0001	0.0001	0.0062	0.0096	13930 switches
D13S317	0.0666	0.0140	0.0223	0.0103	39380 switches
D16S753	0.3163	0.0278	-0.0019	0.0002	26939 switches
D21S1437	0.0135	0.0055	0.0017	0.0129	33468 switches
D22S534	0.3085	0.0279	0.0123	0.0007	13218 switches
D2S1338	0.0015	0.0015	0.0138	0.0083	31966 switches
D3S1358	0.0074	0.0033	0.0179	0.0010	8899 switches
D3S2387	0.0000	0.0000	0.0194	0.0048	13453 switches
D3S2406	0.2522	0.0332	0.0217	0.0203	17428 switches
D5S2503	0.0273	0.0073	0.0251	0.0260	25795 switches
D7S820	0.0544	0.0124	0.0171	0.0167	25820 switches
D9S938	0.1447	0.0201	0.0172	0.0053	14748 switches
SE33	0.0311	0.0130	0.0055	0.0034	3997 switches
TH01	0.6952	0.0270	0.0025	0.0002	31510 switches

Pop : GO

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.1544	0.0244	0.0491	0.0255	7689 switches
D12S391	0.5187	0.0344	-0.0047	-0.0019	18414 switches
D13S317	0.7885	0.0143	-0.0022	-0.0011	68780 switches
D16S753	0.8002	0.0186	-0.0122	-0.0077	31389 switches
D21S1437	0.8201	0.0171	0.0005	-0.0014	25711 switches
D22S534	0.6255	0.0270	0.0651	0.0166	10554 switches
D2S1338	0.1789	0.0231	0.0168	0.0179	38153 switches
D3S1358	0.1022	0.0172	-0.0472	0.0041	10121 switches
D3S2387	0.3899	0.0386	0.0156	0.0017	4841 switches
D3S2406	0.2934	0.0324	0.0196	0.0111	15640 switches
D5S2503	0.8737	0.0167	0.0022	0.0033	19462 switches
D7S820	0.1948	0.0181	0.0172	0.0270	42091 switches
D9S938	0.8005	0.0197	-0.0130	-0.0130	18666 switches
SE33	0.4750	0.0432	0.0041	0.0020	7206 switches
TH01	0.4648	0.0249	0.0221	0.0166	41412 switches

Pop : MA

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.8069	0.0255	0.0125	0.0108	11762 switches
D12S391	0.3241	0.0289	-0.0169	-0.0027	19578 switches
D13S317	0.1944	0.0200	0.0028	0.0018	31125 switches
D16S753	0.2353	0.0251	-0.0093	0.0014	17239 switches
D21S1437	0.6409	0.0222	-0.0055	-0.0015	44672 switches
D22S534	0.1787	0.0183	0.0500	0.0428	18833 switches
D2S1338	0.0620	0.0172	0.0255	0.0247	35351 switches
D3S1358	0.4956	0.0236	-0.0030	0.0058	31821 switches
D3S2387	0.3998	0.0433	-0.0069	0.0010	6247 switches
D3S2406	0.1712	0.0278	0.0129	0.0177	11131 switches
D5S2503	0.7315	0.0261	-0.0016	0.0092	15693 switches
D7S820	0.1916	0.0156	-0.0010	0.0174	42289 switches
D9S938	0.0734	0.0103	0.0279	0.0156	42688 switches
SE33	0.1612	0.0335	0.0128	0.0020	4493 switches
TH01	0.0000	0.0000	0.0078	0.0402	34888 switches

Pop : MG

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.0009	0.0009	0.0093	0.0079	8606 switches
D12S391	0.7907	0.0285	0.0088	0.0059	19919 switches
D13S317	0.5466	0.0306	0.0193	0.0097	34067 switches
D16S753	0.1563	0.0238	0.0073	-0.0048	18531 switches
D21S1437	0.0108	0.0030	0.0112	0.0008	40567 switches
D22S534	0.0502	0.0101	0.0223	0.0176	9639 switches
D2S1338	0.0233	0.0074	0.0091	0.0071	30383 switches
D3S1358	0.1530	0.0222	0.0201	0.0127	15732 switches
D3S2387	0.0000	0.0000	0.0200	0.0496	9661 switches
D3S2406	0.9064	0.0217	0.0203	0.0098	13134 switches
D5S2503	0.6668	0.0269	0.0191	0.0054	22795 switches
D7S820	0.0438	0.0089	0.0164	0.0238	54300 switches
D9S938	0.3346	0.0294	0.0093	0.0024	22427 switches
SE33	0.0000	0.0000	0.0221	0.0104	3254 switches
TH01	0.0292	0.0093	0.0184	0.0380	50549 switches

Pop : MS

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.6723	0.0218	0.0355	-0.0002	5041 switches
D12S391	0.7951	0.0214	-0.0112	-0.0160	6188 switches
D13S317	0.3660	0.0108	0.0244	0.0221	33953 switches
D16S753	0.7314	0.0145	-0.0369	0.0328	12629 switches
D21S1437	0.9338	0.0062	0.0369	0.0379	14965 switches
D22S534	0.6024	0.0151	-0.1158	-0.0723	14315 switches
D2S1338	0.9855	0.0032	-0.0296	-0.0279	11032 switches
D3S1358	0.8984	0.0035	0.0662	0.0509	47279 switches
D3S2387	0.9773	0.0045	-0.0110	-0.0023	5048 switches
D3S2406	0.5216	0.0229	-0.0542	-0.0460	7845 switches
D5S2503	0.0193	0.0030	0.1591	0.1509	29821 switches
D7S820	0.3372	0.0142	-0.0602	-0.0311	19653 switches
D9S938	0.9131	0.0052	-0.0833	-0.0442	23041 switches
SE33	0.0228	0.0086	0.0773	0.0682	1369 switches
TH01	0.6292	0.0080	0.0108	0.0298	52302 switches

Pop : MT

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.1971	0.0219	0.0361	0.0181	9171 switches
D12S391	0.1763	0.0250	-0.0066	-0.0100	17439 switches
D13S317	0.7868	0.0106	0.0016	0.0081	61768 switches
D16S753	0.4333	0.0276	0.0296	0.0651	20986 switches
D21S1437	0.4378	0.0223	0.0168	0.0365	35028 switches
D22S534	0.4629	0.0201	0.0280	0.0035	23641 switches
D2S1338	0.1515	0.0224	0.0407	0.0317	21810 switches
D3S1358	0.7341	0.0213	-0.0354	-0.0184	20494 switches
D3S2387	0.1487	0.0249	0.0349	0.0183	6662 switches
D3S2406	0.1543	0.0227	0.0555	0.0237	10303 switches
D5S2503	0.1821	0.0152	0.0123	0.0071	28783 switches
D7S820	0.6514	0.0193	0.0155	0.0039	29498 switches
D9S938	0.3361	0.0185	0.0369	0.0346	34612 switches
SE33	0.1686	0.0308	0.0036	0.0058	3924 switches
TH01	0.6166	0.0236	0.0034	0.0048	32797 switches

Pop : PA

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.3101	0.0191	0.0495	0.0515	20578 switches
D12S391	0.2163	0.0205	0.0112	-0.0104	14353 switches
D13S317	0.8118	0.0114	0.0032	0.0197	30585 switches
D16S753	0.0372	0.0071	0.0865	0.0664	16312 switches
D21S1437	0.0238	0.0061	0.0213	0.0009	16647 switches
D22S534	0.2086	0.0114	0.1095	0.0607	31404 switches
D2S1338	0.7788	0.0156	-0.0175	-0.0054	28654 switches
D3S1358	0.1793	0.0128	-0.0758	-0.0698	36619 switches
D3S2387	0.3684	0.0350	0.0332	0.0123	5827 switches
D3S2406	0.6813	0.0230	0.0268	0.0084	16002 switches
D5S2503	0.9534	0.0088	-0.0751	-0.0357	9607 switches
D7S820	0.0979	0.0134	0.0502	0.0207	25853 switches
D9S938	0.0638	0.0061	-0.0758	-0.0560	41961 switches
SE33	0.1181	0.0288	0.0109	0.0195	4218 switches
TH01	0.9738	0.0027	-0.0653	-0.0562	40449 switches

Pop : PB

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps	
D10S1237	0.8803	0.0162	-0.0037	0.0002	13993	switches
D12S391	0.9139	0.0128	0.0016	0.0007	19794	switches
D13S317	0.6415	0.0199	-0.0077	-0.0049	37158	switches
D16S753	0.9992	0.0006	-0.0210	-0.0146	13922	switches
D21S1437	0.5514	0.0244	0.0165	-0.0072	26824	switches
D22S534	0.6289	0.0265	0.0172	-0.0036	8948	switches
D2S1338	0.6102	0.0272	0.0313	0.0245	22273	switches
D3S1358	0.5853	0.0239	0.0677	0.0327	16630	switches
D3S2387	0.4130	0.0406	-0.0027	-0.0039	5787	switches
D3S2406	0.9396	0.0117	0.0169	0.0082	23435	switches
D5S2503	0.6675	0.0239	0.0003	-0.0048	14716	switches
D7S820	0.3226	0.0187	0.0191	0.0072	31904	switches
D9S938	0.0220	0.0041	-0.0037	-0.0044	31854	switches
SE33	0.4727	0.0387	0.0218	0.0140	7086	switches
TH01	0.0232	0.0075	0.0039	-0.0021	20269	switches

Pop : PE

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.2182	0.0347	0.0266	0.0129	7609 switches
D12S391	0.1145	0.0219	-0.0037	-0.0010	17820 switches
D13S317	0.0288	0.0068	0.0224	0.0243	45914 switches
D16S753	0.9346	0.0096	-0.0079	-0.0032	24957 switches
D21S1437	0.4247	0.0298	-0.0002	-0.0064	32511 switches
D22S534	0.2146	0.0250	0.0459	0.0129	8503 switches
D2S1338	0.6095	0.0332	0.0235	0.0169	29890 switches
D3S1358	0.9975	0.0019	0.0205	0.0031	9357 switches
D3S2387	0.0307	0.0129	-0.0010	0.0060	7360 switches
D3S2406	0.1213	0.0248	-0.0043	0.0221	15519 switches
D5S2503	0.3716	0.0272	0.0005	0.0023	31422 switches
D7S820	0.0004	0.0002	0.0411	0.0271	28074 switches
D9S938	0.2136	0.0223	0.0269	0.0245	25917 switches
SE33	0.2251	0.0384	0.0049	0.0049	4437 switches
TH01	0.2803	0.0255	-0.0284	-0.0177	33682 switches

Pop : PI

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.8747	0.0223	-0.0118	0.0022	8611 switches
D12S391	0.2951	0.0336	0.0052	0.0052	12891 switches
D13S317	0.8564	0.0139	0.0307	0.0255	44134 switches
D16S753	0.8502	0.0187	0.0025	0.0048	15578 switches
D21S1437	0.0710	0.0109	-0.0053	-0.0039	42358 switches
D22S534	0.5799	0.0206	0.0050	0.0065	29519 switches
D2S1338	0.0476	0.0069	0.0145	0.0145	60040 switches
D3S1358	0.2369	0.0197	-0.0078	0.0207	24298 switches
D3S2387	0.0455	0.0119	0.0222	0.0094	7842 switches
D3S2406	0.7403	0.0281	0.0108	0.0032	19626 switches
D5S2503	0.6573	0.0280	-0.0000	0.0141	10144 switches
D7S820	0.4578	0.0280	0.0509	0.0257	24085 switches
D9S938	0.5529	0.0259	0.0026	-0.0009	33922 switches
SE33	0.7170	0.0417	-0.0056	-0.0007	4885 switches
TH01	0.0496	0.0111	0.0188	0.0165	36347 switches

Pop : PR

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.1436	0.0232	0.0441	0.0202	9244 switches
D12S391	0.6880	0.0296	0.0212	0.0167	25232 switches
D13S317	0.6079	0.0205	0.0238	0.0102	46353 switches
D16S753	0.4738	0.0294	-0.0177	-0.0102	20934 switches
D21S1437	0.2932	0.0262	0.0120	0.0092	18221 switches
D22S534	0.0515	0.0103	0.0141	-0.0092	12591 switches
D2S1338	0.1779	0.0211	-0.0032	0.0006	26648 switches
D3S1358	0.5813	0.0294	0.0110	-0.0001	17572 switches
D3S2387	0.0558	0.0160	0.0105	0.0098	5946 switches
D3S2406	0.7021	0.0347	0.0057	-0.0004	12241 switches
D5S2503	0.8935	0.0156	0.0133	-0.0003	11900 switches
D7S820	0.8038	0.0183	0.0261	0.0202	40756 switches
D9S938	0.3014	0.0264	0.0065	0.0085	23484 switches
SE33	0.1267	0.0277	0.0175	0.0062	4997 switches
TH01	0.2177	0.0241	0.0154	0.0135	35183 switches

Pop : RJ

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.5107	0.0284	0.0969	0.1240	5131 switches
D12S391	0.8755	0.0139	0.0097	-0.0135	7293 switches
D13S317	0.9902	0.0022	-0.0953	-0.0571	9596 switches
D16S753	0.9427	0.0078	-0.0387	-0.0368	6876 switches
D21S1437	0.4372	0.0278	0.0531	0.0489	5794 switches
D22S534	0.1750	0.0109	0.0357	0.1182	15323 switches
D2S1338	0.7936	0.0156	0.0333	0.0331	12085 switches
D3S1358	0.6584	0.0108	-0.0100	-0.0422	22355 switches
D3S2387	0.0333	0.0082	0.1488	0.0815	5101 switches
D3S2406	0.6599	0.0237	0.0405	0.0178	7191 switches
D5S2503	0.3783	0.0197	-0.0397	0.0148	9284 switches
D7S820	0.2783	0.0177	0.1464	0.0713	11963 switches
D9S938	0.5583	0.0131	0.0458	0.0069	17457 switches
SE33	0.9546	0.0115	-0.0114	-0.0191	2059 switches
TH01	0.7199	0.0066	0.0503	0.0691	49536 switches

Pop : RN

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	1.0000	0.0000	-0.1111	-0.1000	4988 switches
D12S391	0.8961	0.0099	0.0078	-0.0134	4485 switches
D13S317	0.9093	0.0067	-0.0769	-0.0714	6856 switches
D16S753	0.5743	0.0113	0.0000	-0.0250	6846 switches
D21S1437	0.7314	0.0106	-0.1852	-0.0893	5841 switches
D22S534	0.7496	0.0054	0.2131	0.1074	13316 switches
D2S1338	0.9628	0.0034	-0.0141	-0.0250	6652 switches
D3S1358	0.1041	0.0077	-0.2522	-0.1500	7948 switches
D3S2387	0.8498	0.0089	-0.0588	-0.0467	5782 switches
D3S2406	0.6228	0.0136	0.1111	0.1250	4661 switches
D5S2503	0.8301	0.0143	-0.2190	-0.0752	3547 switches
D7S820	0.9843	0.0019	-0.0316	-0.0571	8303 switches
D9S938	0.5077	0.0087	-0.0256	-0.0571	8730 switches
SE33	0.3613	0.0342	0.0791	0.0330	973 switches (low!)
TH01	0.1506	0.0079	0.3239	0.2097	11632 switches

Pop : RO

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.8421	0.0172	0.0378	0.0114	7012 switches
D12S391	0.7569	0.0219	-0.0469	-0.0312	9051 switches
D13S317	0.5708	0.0130	0.0612	0.0067	27133 switches
D16S753	0.2602	0.0170	0.0238	-0.0075	13656 switches
D21S1437	0.9762	0.0029	-0.0147	-0.0160	23434 switches
D22S534	0.5743	0.0131	0.0576	0.0410	27885 switches
D2S1338	0.0197	0.0052	0.1368	0.0942	14452 switches
D3S1358	0.2105	0.0213	-0.1526	-0.0656	7172 switches
D3S2387	0.5882	0.0351	-0.0095	-0.0163	4708 switches
D3S2406	0.0152	0.0053	0.0875	0.0526	7306 switches
D5S2503	0.8269	0.0113	0.0049	-0.0089	21804 switches
D7S820	0.4157	0.0138	-0.0013	0.0124	29419 switches
D9S938	0.1966	0.0099	0.1215	0.0802	23656 switches
SE33	0.8097	0.0318	0.0087	-0.0020	2173 switches
TH01	0.3890	0.0097	-0.0735	-0.0661	58955 switches

Pop : RR

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.4890	0.0218	0.0076	-0.0120	4144 switches
D12S391	0.2230	0.0232	-0.0751	-0.0237	3305 switches
D13S317	0.9969	0.0006	-0.1148	-0.0964	17443 switches
D16S753	0.6083	0.0158	-0.1111	-0.0833	3845 switches
D21S1437	0.9427	0.0063	-0.1392	-0.0874	6808 switches
D22S534	0.2755	0.0073	0.0678	-0.0019	17394 switches
D2S1338	0.8680	0.0141	0.0630	0.0417	3738 switches
D3S1358	0.7800	0.0064	-0.1111	-0.1250	24021 switches
D3S2387	1.0000	0.0000	-0.0714	-0.0571	2729 switches
D3S2406	0.8700	0.0163	0.0082	-0.0116	1935 switches
D5S2503	0.3528	0.0085	0.0681	0.0774	17177 switches
D7S820	0.8635	0.0042	-0.0408	-0.0468	20964 switches
D9S938	0.8807	0.0091	0.0021	0.0136	8552 switches
SE33	0.4588	0.0371	0.0669	0.0637	1499 switches
TH01	0.6840	0.0067	0.1245	0.0767	19905 switches

Pop : RS

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.2455	0.0184	0.1411	0.0830	4337 switches
D12S391	0.9421	0.0123	-0.0328	-0.0177	7194 switches
D13S317	0.2563	0.0130	-0.0037	0.0377	17938 switches
D16S753	0.5440	0.0172	-0.0212	-0.0129	11226 switches
D21S1437	0.2887	0.0245	0.0489	0.0099	7369 switches
D22S534	0.2176	0.0102	-0.1174	-0.0504	17407 switches
D2S1338	0.4888	0.0244	-0.0240	-0.0104	9908 switches
D3S1358	0.6947	0.0150	-0.0032	-0.0127	10163 switches
D3S2387	0.7666	0.0202	-0.0719	-0.0334	8476 switches
D3S2406	0.1800	0.0236	0.0445	0.0229	5096 switches
D5S2503	0.7535	0.0101	-0.0872	-0.0773	21133 switches
D7S820	0.1207	0.0100	0.0727	0.0541	19582 switches
D9S938	0.0434	0.0059	-0.0103	0.0013	18551 switches
SE33	0.1019	0.0229	0.0557	0.0630	1555 switches
TH01	0.0881	0.0072	0.1322	0.1400	28288 switches

Pop : SC

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.1785	0.0193	0.0021	0.0001	15665 switches
D12S391	0.3039	0.0280	-0.0239	0.0627	10478 switches
D13S317	0.6811	0.0170	0.0284	0.0256	31970 switches
D16S753	0.5483	0.0279	-0.0733	-0.0268	10476 switches
D21S1437	0.2200	0.0249	0.0599	0.0521	14275 switches
D22S534	0.0428	0.0098	-0.0309	-0.0099	9694 switches
D2S1338	0.1660	0.0181	-0.0170	-0.0105	24275 switches
D3S1358	0.5410	0.0168	0.0089	-0.0062	31565 switches
D3S2387	0.7796	0.0311	0.0260	0.0091	5505 switches
D3S2406	0.0221	0.0083	0.0341	0.0105	8587 switches
D5S2503	0.8163	0.0139	-0.0521	-0.0361	20084 switches
D7S820	0.2814	0.0181	0.0456	0.0446	28364 switches
D9S938	0.6252	0.0226	0.0383	0.0190	14474 switches
SE33	0.7187	0.0375	0.0327	0.0190	4182 switches
TH01	0.8497	0.0097	0.0285	0.0181	37619 switches

Pop : SE

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.1372	0.0290	0.0075	0.0257	14442 switches
D12S391	0.7070	0.0347	0.0021	0.0032	19048 switches
D13S317	0.0029	0.0025	0.0270	0.0176	36126 switches
D16S753	0.0407	0.0091	0.0123	0.0096	28660 switches
D21S1437	0.7144	0.0310	0.0055	0.0039	32451 switches
D22S534	0.0015	0.0010	0.0306	0.0171	16958 switches
D2S1338	0.0323	0.0106	0.0123	0.0063	40720 switches
D3S1358	0.6465	0.0330	0.0075	0.0039	10745 switches
D3S2387	0.0311	0.0138	0.0260	0.0089	12193 switches
D3S2406	0.4912	0.0423	-0.0051	-0.0037	14311 switches
D5S2503	0.0117	0.0043	0.0135	0.0027	23969 switches
D7S820	0.0007	0.0006	0.0214	0.0278	59223 switches
D9S938	0.1275	0.0205	-0.0072	-0.0028	49714 switches
SE33	0.0236	0.0137	0.0068	0.0020	5728 switches
TH01	0.5251	0.0308	0.0097	0.0133	24582 switches

Pop : SP

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.7468	0.0285	0.0002	0.0025	10271 switches
D12S391	0.1752	0.0249	-0.0061	-0.0090	16329 switches
D13S317	0.6029	0.0221	-0.0011	-0.0007	40235 switches
D16S753	0.4939	0.0300	0.0005	0.0229	22594 switches
D21S1437	0.4375	0.0299	0.0150	0.0073	26613 switches
D22S534	0.0730	0.0134	0.0492	0.0124	14024 switches
D2S1338	0.2024	0.0236	-0.0126	0.0688	28196 switches
D3S1358	0.4357	0.0253	-0.0177	-0.0090	26437 switches
D3S2387	0.5692	0.0415	0.0195	0.0049	5011 switches
D3S2406	0.9130	0.0208	-0.0035	-0.0001	8700 switches
D5S2503	0.3902	0.0276	0.0128	0.0039	17359 switches
D7S820	0.1017	0.0111	0.0007	0.0106	36716 switches
D9S938	0.7986	0.0185	-0.0292	-0.0195	22709 switches
SE33	0.9266	0.0209	0.0146	0.0088	4827 switches
TH01	0.0784	0.0153	-0.0117	0.0313	34136 switches

Pop : TO

Fis estimates

locus	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
D10S1237	0.8632	0.0185	-0.0248	-0.0124	11973 switches
D12S391	0.8357	0.0217	-0.0182	-0.0101	13609 switches
D13S317	0.4036	0.0168	0.0337	0.0097	54595 switches
D16S753	0.5136	0.0256	-0.0431	0.0096	16605 switches
D21S1437	0.8764	0.0125	-0.0119	-0.0053	30086 switches
D22S534	0.5228	0.0260	0.0056	0.0141	10888 switches
D2S1338	0.5907	0.0227	-0.0113	0.0055	43024 switches
D3S1358	0.2122	0.0196	0.0086	-0.0041	12783 switches
D3S2387	0.1227	0.0277	0.0449	0.0337	5524 switches
D3S2406	0.1744	0.0240	0.0166	0.0146	15343 switches
D5S2503	0.6849	0.0215	0.0547	0.0230	10554 switches
D7S820	0.0633	0.0086	0.0253	0.0027	30948 switches
D9S938	0.8651	0.0112	0.0534	0.0271	27003 switches
SE33	0.1115	0.0286	0.0133	0.0071	6403 switches
TH01	0.8883	0.0073	-0.0168	-0.0187	71839 switches

Anexo 11– Probabilidade de Correspondência (PC)

Probabilidade de Correspondência (Matching Probability)																
	D2S1338	D3S1358	D3S2387	D3S2406	D5S818	D5S2503	D7S820	D9S938	D10S1237	D12S391	D13S317	D16S539	D16S753	D21S1437	D22S534	D22S689
AC	0,037	0,094	0,028	0,022	0,100	0,093	0,088	0,065	0,039	0,040	0,063	0,082	0,074	0,068	0,129	0,080
AL	0,032	0,096	0,031	0,027	0,112	0,113	0,074	0,073	0,051	0,031	0,087	0,087	0,069	0,055	0,152	0,094
AM	0,031	0,122	0,024	0,017	0,101	0,090	0,076	0,081	0,035	0,046	0,056	0,069	0,082	0,056	0,155	0,102
BA	0,025	0,082	0,020	0,021	0,111	0,084	0,067	0,060	0,032	0,031	0,080	0,085	0,064	0,049	0,112	0,072
CE	0,031	0,087	0,029	0,025	0,116	0,088	0,071	0,061	0,056	0,034	0,075	0,069	0,067	0,059	0,160	0,079
ES	0,027	0,113	0,016	0,021	0,118	0,080	0,067	0,057	0,034	0,027	0,075	0,095	0,056	0,053	0,111	0,087
MA	0,026	0,100	0,024	0,019	0,119	0,086	0,072	0,058	0,040	0,036	0,066	0,075	0,072	0,051	0,138	0,090
MG	0,026	0,077	0,020	0,022	0,125	0,085	0,069	0,062	0,034	0,038	0,077	0,105	0,055	0,064	0,108	0,077
MT	0,032	0,088	0,033	0,024	0,107	0,130	0,075	0,060	0,051	0,038	0,071	0,082	0,064	0,089	0,136	0,110
PA	0,031	0,112	0,028	0,027	0,104	0,094	0,082	0,083	0,043	0,041	0,071	0,086	0,070	0,055	0,165	0,124
PB	0,028	0,084	0,029	0,021	0,104	0,096	0,066	0,068	0,052	0,039	0,092	0,087	0,059	0,074	0,136	0,106
PE	0,027	0,085	0,021	0,018	0,116	0,095	0,069	0,063	0,048	0,033	0,077	0,076	0,057	0,055	0,122	0,075
PI	0,027	0,095	0,024	0,023	0,112	0,098	0,067	0,073	0,049	0,037	0,064	0,070	0,061	0,059	0,143	0,100
PR	0,028	0,084	0,031	0,020	0,128	0,088	0,069	0,066	0,050	0,028	0,073	0,073	0,063	0,063	0,144	0,084
RJ	0,033	0,096	0,033	0,029	0,101	0,099	0,085	0,078	0,055	0,047	0,076	0,079	0,062	0,093	0,138	0,080
SC	0,038	0,084	0,037	0,030	0,120	0,084	0,067	0,083	0,067	0,040	0,096	0,079	0,078	0,078	0,150	0,080
SE	0,026	0,083	0,017	0,017	0,115	0,088	0,062	0,058	0,035	0,032	0,073	0,072	0,053	0,051	0,117	0,094
SP	0,028	0,095	0,024	0,021	0,128	0,104	0,072	0,068	0,041	0,032	0,088	0,080	0,066	0,060	0,111	0,089
TO	0,037	0,114	0,036	0,031	0,121	0,116	0,079	0,067	0,045	0,036	0,079	0,085	0,066	0,064	0,149	0,076
Média	0,030	0,094	0,027	0,023	0,114	0,095	0,073	0,068	0,045	0,036	0,076	0,081	0,065	0,063	0,136	0,089
Desvio Padrão	0,004	0,013	0,006	0,004	0,009	0,013	0,007	0,009	0,009	0,005	0,010	0,009	0,008	0,013	0,018	0,014
Menor PC	BA	MG	ES	AM/SE	AC	ES	SE	ES	BA	ES	AM	AM/CE	SE	BA	MG	BA
Maior PC	SC	AM	SC	TO	PR/SP	MT	AC	PA/SC	SC	RJ	SC	MG	AM	RJ	PA	PA

Anexo 12 – Informação Polimórfica Contida em cada marcador (PIC)

PIC (Polymorfims Information Content)																
	D2S1338	D3S1358	D3S2387	D3S2406	D5S818	D5S2503	D7S820	D9S938	D10S1237	D12S391	D13S317	D16S539	D16S753	D21S1437	D22S534	D22S68
AC	0,849	0,727	0,872	0,898	0,724	0,723	0,739	0,786	0,842	0,838	0,779	0,753	0,768	0,794	0,671	0,751
AL	0,869	0,735	0,885	0,900	0,696	0,709	0,765	0,779	0,834	0,869	0,739	0,740	0,785	0,816	0,637	0,737
AM	0,862	0,688	0,885	0,908	0,702	0,743	0,760	0,749	0,854	0,825	0,800	0,775	0,750	0,806	0,615	0,705
BA	0,879	0,720	0,890	0,887	0,694	0,717	0,769	0,778	0,853	0,855	0,737	0,786	0,794	0,807	0,674	0,759
CE	0,861	0,740	0,874	0,895	0,686	0,730	0,766	0,790	0,804	0,854	0,752	0,766	0,776	0,797	0,616	0,755
ES	0,873	0,748	0,900	0,886	0,682	0,728	0,771	0,788	0,846	0,869	0,739	0,778	0,808	0,800	0,682	0,738
MA	0,874	0,717	0,891	0,903	0,687	0,744	0,764	0,787	0,839	0,849	0,769	0,765	0,781	0,822	0,647	0,723
MG	0,873	0,739	0,888	0,889	0,676	0,715	0,769	0,782	0,849	0,877	0,738	0,771	0,791	0,815	0,690	0,745
MT	0,862	0,740	0,867	0,895	0,691	0,691	0,770	0,785	0,828	0,860	0,768	0,766	0,787	0,799	0,643	0,702
PA	0,866	0,701	0,879	0,895	0,708	0,743	0,756	0,749	0,834	0,855	0,775	0,764	0,768	0,813	0,621	0,712
PB	0,874	0,751	0,879	0,894	0,708	0,728	0,782	0,778	0,813	0,847	0,740	0,752	0,791	0,757	0,649	0,714
PE	0,873	0,735	0,892	0,901	0,682	0,739	0,768	0,782	0,823	0,857	0,752	0,760	0,798	0,802	0,683	0,749
PI	0,876	0,731	0,895	0,895	0,685	0,720	0,777	0,779	0,840	0,849	0,774	0,776	0,801	0,804	0,654	0,717
PR	0,865	0,742	0,861	0,897	0,668	0,746	0,773	0,781	0,806	0,869	0,775	0,758	0,787	0,783	0,636	0,755
RJ	0,864	0,731	0,876	0,890	0,701	0,715	0,760	0,779	0,821	0,838	0,757	0,759	0,780	0,737	0,647	0,757
SC	0,854	0,747	0,858	0,890	0,678	0,748	0,781	0,755	0,776	0,848	0,740	0,753	0,761	0,780	0,635	0,759
SE	0,874	0,735	0,898	0,895	0,684	0,700	0,772	0,783	0,844	0,852	0,752	0,763	0,817	0,810	0,670	0,723
SP	0,869	0,738	0,887	0,893	0,683	0,719	0,769	0,775	0,829	0,856	0,741	0,766	0,784	0,795	0,698	0,730
TO	0,867	0,693	0,866	0,886	0,684	0,714	0,763	0,780	0,829	0,855	0,742	0,755	0,779	0,803	0,660	0,776
Média	0,868	0,729	0,881	0,895	0,690	0,725	0,767	0,777	0,830	0,854	0,756	0,763	0,784	0,797	0,654	0,737
Desvio Padrão	0,008	0,018	0,012	0,006	0,013	0,016	0,010	0,012	0,019	0,012	0,018	0,011	0,016	0,021	0,025	0,021
Maior PIC	BA	AM	ES	ES/TO	AC	SC	PB	CE	AM	MG	AM	BA	SE	MG	MG	TO
Menor PIC	AC	PB	SC	AM	PR	MT	AC	AM/PA	SC	AM	BA	AL	AM	RJ	AM	MT

Anexo 13 – Poder de Discriminação (PD)

Poder de Discriminação																
	D2S1338	D3S1358	D3S2387	D3S2406	D5S818	D5S2503	D7S820	D9S938	D10S1237	D12S391	D13S317	D16S539	D16S753	D21S1437	D22S534	D22S689
AC	0,963	0,906	0,972	0,978	0,900	0,907	0,912	0,935	0,961	0,960	0,937	0,918	0,926	0,932	0,871	0,920
AL	0,968	0,904	0,969	0,973	0,888	0,887	0,926	0,927	0,949	0,969	0,913	0,913	0,931	0,945	0,848	0,906
AM	0,969	0,878	0,976	0,983	0,899	0,910	0,924	0,919	0,965	0,954	0,944	0,931	0,918	0,944	0,845	0,898
BA	0,975	0,918	0,980	0,979	0,889	0,916	0,933	0,940	0,968	0,969	0,920	0,915	0,936	0,951	0,888	0,928
CE	0,969	0,913	0,971	0,975	0,884	0,912	0,929	0,939	0,944	0,966	0,925	0,931	0,933	0,941	0,840	0,921
ES	0,973	0,887	0,984	0,979	0,882	0,920	0,933	0,943	0,966	0,973	0,925	0,905	0,944	0,947	0,889	0,913
MA	0,974	0,900	0,976	0,981	0,881	0,914	0,928	0,942	0,960	0,964	0,934	0,925	0,928	0,949	0,862	0,910
MG	0,974	0,923	0,980	0,978	0,875	0,915	0,931	0,938	0,966	0,962	0,923	0,895	0,945	0,936	0,892	0,923
MT	0,968	0,912	0,967	0,976	0,893	0,870	0,925	0,940	0,949	0,962	0,929	0,918	0,936	0,911	0,864	0,890
PA	0,969	0,888	0,972	0,973	0,896	0,906	0,918	0,917	0,957	0,959	0,929	0,914	0,930	0,945	0,835	0,876
PB	0,972	0,916	0,971	0,979	0,896	0,904	0,934	0,932	0,948	0,961	0,908	0,913	0,941	0,926	0,864	0,894
PE	0,973	0,915	0,979	0,982	0,884	0,905	0,931	0,937	0,952	0,967	0,923	0,924	0,943	0,945	0,878	0,925
PI	0,973	0,905	0,976	0,977	0,888	0,902	0,933	0,927	0,951	0,963	0,936	0,930	0,939	0,941	0,857	0,900
PR	0,972	0,916	0,969	0,980	0,872	0,912	0,931	0,934	0,950	0,972	0,927	0,927	0,937	0,937	0,856	0,916
RJ	0,967	0,904	0,967	0,971	0,899	0,901	0,915	0,922	0,945	0,953	0,924	0,921	0,938	0,907	0,862	0,920
SC	0,962	0,916	0,963	0,970	0,880	0,916	0,933	0,917	0,933	0,960	0,904	0,921	0,922	0,922	0,850	0,920
SE	0,974	0,917	0,983	0,983	0,885	0,912	0,938	0,942	0,965	0,968	0,927	0,928	0,947	0,949	0,883	0,906
SP	0,972	0,905	0,976	0,979	0,872	0,896	0,928	0,932	0,959	0,968	0,912	0,920	0,934	0,940	0,889	0,911
TO	0,963	0,886	0,964	0,969	0,879	0,884	0,921	0,933	0,955	0,964	0,921	0,915	0,934	0,936	0,851	0,924
Média	0,970	0,906	0,973	0,977	0,886	0,905	0,927	0,932	0,955	0,964	0,924	0,919	0,935	0,937	0,864	0,911
Desvio Padrão	0,004	0,013	0,006	0,004	0,009	0,013	0,007	0,009	0,009	0,005	0,010	0,009	0,008	0,013	0,018	0,014
Maior PD	BA	MG	ES	AM/SE	AC	ES	SE	ES	BA	ES	AM	AM/CE	SE	BA	MG	BA
Menor PD	SC	AM	SC	TO	PR/SP	MT	AC	PA/SC	SC	RJ	SC	MG	AM	RJ	PA	PA

Anexo 14 – Poder de Exclusão (PE)

Poder de Exclusão																
	D2S1338	D3S1358	D3S2387	D3S2406	D5S818	D5S2503	D7S820	D9S938	D10S1237	D12S391	D13S317	D16S539	D16S753	D21S1437	D22S534	D22S534
AC	0,626	0,463	0,696	0,662	0,555	0,425	0,512	0,576	0,594	0,617	0,554	0,531	0,629	0,574	0,201	0,48
AL	0,668	0,530	0,782	0,687	0,447	0,460	0,503	0,709	0,514	0,762	0,496	0,422	0,558	0,606	0,385	0,40
AM	0,732	0,434	0,670	0,672	0,432	0,517	0,598	0,526	0,699	0,648	0,576	0,550	0,535	0,702	0,287	0,49
BA	0,699	0,514	0,681	0,629	0,440	0,529	0,553	0,589	0,545	0,728	0,504	0,458	0,587	0,605	0,382	0,44
CE	0,633	0,507	0,719	0,700	0,488	0,428	0,566	0,606	0,496	0,714	0,489	0,468	0,534	0,599	0,384	0,38
ES	0,704	0,447	0,715	0,612	0,468	0,506	0,589	0,628	0,590	0,734	0,525	0,469	0,620	0,604	0,364	0,43
MA	0,684	0,496	0,766	0,734	0,476	0,510	0,523	0,458	0,541	0,707	0,527	0,543	0,658	0,651	0,387	0,43
MG	0,659	0,529	0,765	0,661	0,486	0,510	0,616	0,598	0,609	0,644	0,542	0,471	0,600	0,567	0,374	0,40
MT	0,602	0,541	0,639	0,610	0,362	0,510	0,672	0,463	0,519	0,800	0,604	0,561	0,640	0,723	0,286	0,54
PA	0,667	0,495	0,675	0,640	0,452	0,532	0,547	0,529	0,599	0,802	0,609	0,621	0,430	0,599	0,367	0,43
PB	0,672	0,576	0,745	0,635	0,463	0,494	0,582	0,632	0,625	0,772	0,522	0,553	0,590	0,537	0,357	0,44
PE	0,727	0,447	0,682	0,661	0,425	0,507	0,563	0,574	0,511	0,702	0,476	0,489	0,563	0,615	0,373	0,47
PI	0,731	0,499	0,609	0,586	0,439	0,587	0,510	0,584	0,539	0,662	0,559	0,563	0,639	0,651	0,424	0,38
PR	0,661	0,533	0,700	0,573	0,407	0,534	0,547	0,600	0,527	0,694	0,609	0,459	0,590	0,601	0,316	0,46
RJ	0,748	0,553	0,703	0,777	0,482	0,498	0,643	0,662	0,462	0,814	0,573	0,387	0,399	0,498	0,322	0,52
SC	0,757	0,464	0,677	0,624	0,362	0,613	0,551	0,584	0,587	0,701	0,586	0,499	0,595	0,657	0,392	0,46
SE	0,675	0,520	0,696	0,777	0,429	0,536	0,573	0,603	0,551	0,702	0,537	0,497	0,585	0,659	0,394	0,37
SP	0,677	0,588	0,719	0,614	0,517	0,531	0,580	0,594	0,541	0,673	0,571	0,511	0,625	0,573	0,344	0,41
TO	0,765	0,349	0,576	0,630	0,456	0,386	0,630	0,524	0,561	0,702	0,399	0,361	0,581	0,622	0,195	0,39
Média	0,689	0,499	0,695	0,657	0,452	0,506	0,571	0,581	0,558	0,715	0,540	0,495	0,577	0,613	0,344	0,44
Desvio Padrão	0,046	0,056	0,052	0,057	0,047	0,053	0,046	0,061	0,054	0,055	0,053	0,065	0,067	0,054	0,063	0,04
Maior PE	TO	SP	AL	RJ/SE	AC	SC	MT	AL	AM	RJ	PA/PR	PA	MA	MT	PI	MT
Menor PE	MT	TO	TO	PR	SC	TO	AL	MA	RJ	AC	TO	TO	RJ	RJ	TO	SE

Anexo 15 – Tabelas de Frequências alélicas Conjunto de Dados 1

Locus: D2S1338

Pop	Alelos																N° de alelos
	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	
AC	- 0.006	0.000	0.000	0.050	0.201	0.074	0.109	0.169	0.053	0.080	0.121	0.071	0.047	0.018	0.000	0.000	338
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.389	0.000	0.222	0.056	0.000	0.111	0.056	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	18
AM	- 0.000	0.001	0.001	0.037	0.195	0.076	0.158	0.122	0.042	0.082	0.143	0.063	0.072	0.007	0.000	0.000	814
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.200	0.100	0.100	0.000	0.200	0.200	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	10
BA	- 0.000	0.000	0.001	0.049	0.184	0.070	0.131	0.129	0.072	0.092	0.114	0.081	0.057	0.017	0.002	0.000	5698
CE	- 0.002	0.000	0.002	0.030	0.211	0.084	0.136	0.113	0.040	0.071	0.145	0.089	0.056	0.019	0.002	0.000	802
ES	- 0.000	0.000	0.001	0.046	0.189	0.074	0.125	0.132	0.072	0.082	0.107	0.084	0.067	0.018	0.002	0.000	3036
GO	- 0.000	0.000	0.003	0.049	0.196	0.085	0.130	0.129	0.048	0.060	0.134	0.066	0.088	0.010	0.003	0.000	730
MA	- 0.000	0.000	0.000	0.040	0.190	0.085	0.124	0.138	0.063	0.080	0.098	0.088	0.082	0.011	0.000	0.000	622
MG	- 0.000	0.000	0.002	0.049	0.207	0.077	0.126	0.128	0.068	0.068	0.108	0.083	0.066	0.015	0.002	0.000	2394
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.240	0.160	0.180	0.040	0.100	0.020	0.100	0.080	0.040	0.020	0.020	0.000	50
MT	- 0.000	0.000	0.008	0.038	0.210	0.082	0.142	0.142	0.049	0.082	0.109	0.049	0.071	0.014	0.003	0.000	366
PA	- 0.000	0.000	0.000	0.050	0.206	0.106	0.083	0.139	0.078	0.072	0.100	0.072	0.061	0.033	0.000	0.000	180
PB	- 0.000	0.003	0.000	0.033	0.253	0.102	0.110	0.102	0.066	0.061	0.112	0.087	0.059	0.013	0.000	0.000	392
PE	- 0.000	0.001	0.000	0.057	0.220	0.068	0.133	0.111	0.056	0.076	0.097	0.080	0.076	0.023	0.002	0.000	1026
PI	- 0.000	0.000	0.000	0.037	0.223	0.085	0.129	0.129	0.046	0.080	0.113	0.095	0.048	0.016	0.000	0.000	566
PR	- 0.000	0.001	0.001	0.052	0.236	0.077	0.147	0.110	0.048	0.057	0.103	0.059	0.087	0.019	0.002	0.000	878
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.020	0.300	0.080	0.180	0.080	0.120	0.020	0.040	0.120	0.020	0.020	0.000	0.000	50
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4
RO	- 0.000	0.000	0.000	0.025	0.225	0.100	0.100	0.200	0.037	0.075	0.113	0.087	0.037	0.000	0.000	0.000	80
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.083	0.417	0.083	0.083	0.167	0.083	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	12
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.045	0.182	0.023	0.136	0.273	0.023	0.023	0.068	0.091	0.114	0.023	0.000	0.000	44
SC	- 0.000	0.000	0.004	0.032	0.256	0.076	0.128	0.144	0.032	0.040	0.128	0.048	0.080	0.020	0.012	0.000	250
SE	- 0.000	0.000	0.000	0.039	0.203	0.070	0.114	0.142	0.069	0.085	0.098	0.098	0.060	0.020	0.002	0.000	2916
SP	- 0.000	0.000	0.003	0.051	0.231	0.088	0.120	0.127	0.054	0.057	0.104	0.084	0.060	0.019	0.003	0.000	702
TO	- 0.000	0.000	0.000	0.027	0.220	0.106	0.102	0.152	0.098	0.064	0.076	0.076	0.064	0.015	0.000	0.000	264

Locus: D3S1358

Pop	Alelos												N° de alelos
	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	22	15.2	
AC	- 0.000	0.003	0.007	0.060	0.311	0.311	0.179	0.106	0.020	0.003	0.000	0.000	302
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.111	0.333	0.111	0.278	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	18
AM	- 0.000	0.000	0.000	0.057	0.394	0.309	0.164	0.069	0.007	0.000	0.000	0.000	738
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.300	0.200	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	10
BA	- 0.001	0.002	0.004	0.103	0.305	0.285	0.207	0.084	0.008	0.001	0.000	0.000	5022
CE	- 0.000	0.001	0.001	0.079	0.298	0.318	0.188	0.095	0.019	0.001	0.000	0.000	746
ES	- 0.001	0.002	0.006	0.099	0.291	0.282	0.221	0.090	0.007	0.000	0.000	0.000	2716
GO	- 0.000	0.004	0.004	0.088	0.299	0.276	0.223	0.097	0.009	0.000	0.000	0.000	692
MA	- 0.000	0.005	0.009	0.095	0.319	0.279	0.184	0.104	0.005	0.000	0.000	0.000	570
MG	- 0.000	0.003	0.004	0.102	0.278	0.274	0.220	0.109	0.007	0.002	0.000	0.000	2200
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.152	0.261	0.152	0.261	0.174	0.000	0.000	0.000	0.000	46
MT	- 0.000	0.003	0.006	0.089	0.317	0.277	0.183	0.114	0.011	0.000	0.000	0.000	350
PA	- 0.000	0.000	0.000	0.069	0.319	0.281	0.212	0.113	0.006	0.000	0.000	0.000	160
PB	- 0.000	0.000	0.003	0.095	0.279	0.249	0.226	0.134	0.014	0.000	0.000	0.000	358
PE	- 0.002	0.001	0.001	0.089	0.314	0.286	0.205	0.089	0.012	0.000	0.000	0.000	930
PI	- 0.000	0.005	0.004	0.089	0.333	0.290	0.173	0.096	0.005	0.005	0.000	0.000	562
PR	- 0.000	0.001	0.001	0.083	0.313	0.244	0.210	0.137	0.011	0.000	0.000	0.000	824
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.040	0.320	0.300	0.220	0.120	0.000	0.000	0.000	0.000	50
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4
RO	- 0.000	0.017	0.000	0.067	0.283	0.300	0.200	0.117	0.017	0.000	0.000	0.000	60
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.167	0.333	0.167	0.083	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	12
RS	- 0.000	0.000	0.028	0.083	0.361	0.194	0.167	0.139	0.028	0.000	0.000	0.000	36
SC	- 0.000	0.000	0.004	0.090	0.282	0.286	0.192	0.137	0.009	0.000	0.000	0.000	234
SE	- 0.000	0.003	0.004	0.093	0.297	0.269	0.205	0.119	0.009	0.000	0.000	0.000	2760
SP	- 0.000	0.000	0.002	0.106	0.309	0.248	0.204	0.122	0.011	0.000	0.000	0.000	658
TO	- 0.000	0.000	0.008	0.090	0.320	0.279	0.205	0.094	0.004	0.000	0.000	0.000	244

Locus: D3S2387

Pop	Alelos																																N° de alelos
	160	162	164	168	170	172	174	176	178	180	182	184	186	188	190	192	194	196	198	200	202	204	206	208	210	212	214	216	220	320			
--																																	
AC	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.013	0.000	0.117	0.000	0.057	0.010	0.104	0.007	0.081	0.037	0.131	0.017	0.161	0.020	0.114	0.000	0.067	0.000	0.040	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	298	
AL	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000	0.300	0.000	0.100	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	10	
AM	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.015	0.000	0.117	0.000	0.105	0.004	0.106	0.005	0.070	0.011	0.153	0.011	0.152	0.011	0.126	0.000	0.063	0.003	0.026	0.001	0.007	0.000	0.003	0.000	0.000	744	
AP	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.300	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.100	0.200	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	10	
BA	-	0.001	0.000	0.000	0.002	0.038	0.012	0.000	0.059	0.003	0.084	0.009	0.102	0.005	0.114	0.025	0.125	0.034	0.144	0.021	0.119	0.013	0.050	0.007	0.026	0.001	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	5190	
CE	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.006	0.000	0.081	0.001	0.086	0.003	0.102	0.000	0.106	0.011	0.135	0.010	0.184	0.011	0.123	0.006	0.072	0.003	0.036	0.000	0.011	0.000	0.004	0.000	0.000	724	
ES	-	0.001	0.000	0.000	0.000	0.023	0.009	0.000	0.073	0.002	0.070	0.007	0.101	0.004	0.117	0.025	0.139	0.026	0.159	0.015	0.119	0.014	0.052	0.003	0.030	0.000	0.009	0.000	0.001	0.000	0.000	2502	
GO	-	0.000	0.000	0.000	0.002	0.016	0.006	0.003	0.047	0.003	0.084	0.008	0.095	0.002	0.097	0.016	0.158	0.026	0.192	0.008	0.131	0.013	0.066	0.000	0.019	0.002	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	620	
MA	-	0.000	0.000	0.000	0.002	0.019	0.012	0.000	0.073	0.002	0.077	0.008	0.102	0.010	0.081	0.019	0.165	0.019	0.137	0.012	0.129	0.008	0.077	0.002	0.037	0.000	0.006	0.002	0.004	0.000	0.000	520	
MG	-	0.000	0.000	0.001	0.000	0.019	0.006	0.000	0.047	0.002	0.073	0.004	0.107	0.002	0.099	0.023	0.138	0.024	0.173	0.012	0.149	0.011	0.068	0.003	0.026	0.001	0.011	0.000	0.001	0.000	0.000	2106	
MS	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000	0.188	0.000	0.021	0.000	0.062	0.000	0.062	0.000	0.146	0.000	0.312	0.000	0.125	0.000	0.021	0.000	0.021	0.000	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000	48	
MT	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.003	0.000	0.080	0.000	0.074	0.006	0.113	0.003	0.098	0.025	0.110	0.012	0.193	0.006	0.129	0.003	0.089	0.000	0.043	0.000	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	326	
PA	-	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.091	0.000	0.079	0.006	0.104	0.000	0.079	0.012	0.122	0.018	0.171	0.006	0.152	0.012	0.104	0.000	0.012	0.000	0.006	0.000	0.006	0.000	0.000	164	
PB	-	0.000	0.003	0.000	0.000	0.014	0.009	0.000	0.060	0.000	0.082	0.003	0.105	0.011	0.094	0.028	0.142	0.009	0.176	0.011	0.148	0.006	0.065	0.000	0.031	0.003	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	352	
PE	-	0.002	0.000	0.003	0.000	0.020	0.009	0.000	0.065	0.001	0.081	0.002	0.106	0.004	0.097	0.021	0.147	0.015	0.146	0.013	0.134	0.002	0.075	0.001	0.040	0.002	0.010	0.000	0.001	0.000	0.000	890	
PI	-	0.000	0.000	0.000	0.003	0.022	0.003	0.000	0.078	0.000	0.036	0.006	0.100	0.006	0.125	0.011	0.128	0.019	0.158	0.006	0.133	0.008	0.103	0.003	0.044	0.003	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	360	
PR	-	0.001	0.000	0.000	0.000	0.009	0.004	0.000	0.085	0.001	0.068	0.001	0.094	0.000	0.100	0.013	0.148	0.014	0.212	0.002	0.135	0.004	0.075	0.001	0.024	0.000	0.007	0.000	0.001	0.000	0.000	850	
RJ	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.029	0.000	0.059	0.000	0.147	0.000	0.118	0.000	0.147	0.000	0.147	0.059	0.176	0.000	0.059	0.000	0.029	0.000	0.000	0.000	0.029	0.000	0.000	0.000	34
RN	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4	
RO	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.015	0.015	0.000	0.118	0.000	0.132	0.000	0.044	0.000	0.044	0.015	0.132	0.029	0.221	0.015	0.103	0.015	0.044	0.015	0.015	0.000	0.029	0.000	0.000	0.000	0.000	68	
RR	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.083	0.000	0.167	0.000	0.167	0.000	0.083	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	12	
RS	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.024	0.000	0.000	0.048	0.000	0.024	0.000	0.024	0.000	0.071	0.000	0.238	0.000	0.238	0.024	0.167	0.000	0.095	0.000	0.000	0.000	0.048	0.000	0.000	0.000	0.000	42	
SC	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.082	0.000	0.077	0.005	0.113	0.000	0.103	0.005	0.119	0.000	0.144	0.000	0.227	0.000	0.077	0.000	0.026	0.005	0.005	0.000	0.005	0.000	0.000	194	
SE	-	0.002	0.000	0.000	0.001	0.021	0.005	0.000	0.067	0.001	0.070	0.004	0.109	0.006	0.122	0.023	0.142	0.024	0.146	0.016	0.115	0.006	0.079	0.002	0.030	0.000	0.006	0.000	0.002	0.000	0.000	2522	
SP	-	0.002	0.000	0.000	0.000	0.013	0.002	0.000	0.054	0.002	0.067	0.000	0.108	0.003	0.111	0.011	0.137	0.006	0.183	0.006	0.165	0.003	0.062	0.003	0.049	0.003	0.008	0.002	0.000	0.002	0.000	630	
TO	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.013	0.013	0.000	0.069	0.000	0.073	0.000	0.099	0.000	0.134	0.013	0.129	0.034	0.172	0.004	0.129	0.009	0.086	0.004	0.004	0.000	0.013	0.000	0.000	0.000	0.000	232	

Locus: D3S2406

Pop	Alelos																																N° de alelos
	288	292	296	300	304	306	308	310	312	314	316	318	320	324	326	328	332	336	340	344	348	352	356	360	364	368	372						
AC	- 0.000	0.000	0.000	0.003	0.013	0.000	0.013	0.000	0.074	0.000	0.064	0.000	0.121	0.077	0.000	0.097	0.124	0.121	0.131	0.094	0.047	0.010	0.003	0.003	0.003	0.000	0.000	0.000	298				
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.167	0.000	0.083	0.083	0.000	0.083	0.250	0.083	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	12				
AM	- 0.000	0.000	0.001	0.000	0.007	0.000	0.043	0.000	0.099	0.000	0.078	0.000	0.112	0.098	0.000	0.080	0.101	0.112	0.123	0.061	0.055	0.013	0.010	0.006	0.000	0.000	0.000	676					
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.100	0.100	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	10					
BA	- 0.000	0.001	0.000	0.005	0.015	0.000	0.027	0.002	0.091	0.001	0.124	0.000	0.125	0.131	0.000	0.111	0.094	0.086	0.076	0.050	0.028	0.019	0.009	0.003	0.001	0.000	0.000	4642					
CE	- 0.000	0.000	0.002	0.000	0.019	0.005	0.034	0.000	0.063	0.002	0.128	0.000	0.102	0.136	0.000	0.099	0.086	0.088	0.093	0.073	0.042	0.019	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	648					
ES	- 0.000	0.000	0.000	0.004	0.013	0.000	0.035	0.000	0.073	0.000	0.123	0.000	0.135	0.127	0.000	0.103	0.106	0.079	0.085	0.057	0.029	0.016	0.010	0.004	0.001	0.000	0.000	2454					
GO	- 0.000	0.000	0.000	0.005	0.009	0.000	0.032	0.003	0.094	0.002	0.114	0.000	0.108	0.156	0.000	0.111	0.094	0.093	0.074	0.063	0.019	0.008	0.008	0.005	0.003	0.000	0.000	648					
MA	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.027	0.000	0.080	0.000	0.078	0.000	0.087	0.144	0.002	0.105	0.121	0.094	0.114	0.048	0.046	0.023	0.011	0.004	0.002	0.002	0.000	562					
MG	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.024	0.001	0.073	0.001	0.127	0.000	0.125	0.133	0.000	0.122	0.107	0.077	0.094	0.055	0.024	0.011	0.009	0.002	0.001	0.000	0.000	2110					
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.095	0.000	0.048	0.000	0.071	0.167	0.000	0.048	0.143	0.119	0.190	0.071	0.024	0.024	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	42					
MT	- 0.000	0.000	0.003	0.010	0.016	0.000	0.019	0.000	0.067	0.000	0.125	0.000	0.122	0.125	0.000	0.096	0.128	0.090	0.096	0.067	0.013	0.013	0.003	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	312				
PA	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.133	0.000	0.067	0.000	0.093	0.127	0.000	0.113	0.080	0.140	0.127	0.060	0.007	0.027	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	150					
PB	- 0.000	0.000	0.000	0.003	0.015	0.000	0.033	0.000	0.057	0.000	0.114	0.000	0.111	0.142	0.000	0.148	0.066	0.108	0.090	0.045	0.036	0.021	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	332					
PE	- 0.000	0.000	0.001	0.007	0.014	0.000	0.033	0.004	0.088	0.000	0.126	0.000	0.124	0.159	0.000	0.101	0.081	0.079	0.086	0.049	0.024	0.019	0.005	0.001	0.000	0.000	0.000	850					
PI	- 0.000	0.000	0.000	0.008	0.023	0.002	0.018	0.000	0.082	0.002	0.101	0.000	0.103	0.123	0.000	0.103	0.099	0.097	0.095	0.056	0.039	0.025	0.016	0.006	0.002	0.000	0.000	514					
PR	- 0.000	0.000	0.001	0.000	0.011	0.000	0.022	0.000	0.073	0.000	0.101	0.000	0.105	0.119	0.000	0.128	0.116	0.105	0.099	0.056	0.038	0.015	0.006	0.004	0.001	0.000	0.000	716					
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.182	0.000	0.114	0.068	0.000	0.136	0.114	0.159	0.045	0.068	0.068	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	44					
RN	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0					
RO	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.014	0.000	0.042	0.000	0.153	0.000	0.083	0.139	0.000	0.056	0.167	0.069	0.056	0.083	0.042	0.028	0.014	0.000	0.028	0.000	0.000	72					
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4					
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.062	0.000	0.094	0.000	0.094	0.000	0.094	0.062	0.000	0.094	0.062	0.156	0.094	0.031	0.062	0.062	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	32					
SC	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.022	0.000	0.049	0.000	0.111	0.000	0.119	0.102	0.000	0.106	0.119	0.093	0.128	0.071	0.031	0.018	0.000	0.004	0.004	0.004	0.000	226					
SE	- 0.001	0.000	0.000	0.002	0.019	0.000	0.035	0.001	0.087	0.002	0.116	0.000	0.122	0.142	0.000	0.110	0.088	0.093	0.078	0.050	0.027	0.009	0.014	0.005	0.000	0.001	0.000	2444					
SP	- 0.000	0.002	0.000	0.003	0.019	0.000	0.037	0.000	0.086	0.002	0.113	0.000	0.152	0.102	0.000	0.091	0.112	0.089	0.072	0.058	0.026	0.019	0.005	0.011	0.002	0.000	0.000	626					
TO	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.010	0.005	0.051	0.000	0.157	0.000	0.131	0.162	0.000	0.126	0.081	0.136	0.061	0.030	0.030	0.005	0.005	0.005	0.000	0.000	0.000	198					

Locus: D5S2503

Pop	Alelos												N° de alelos
	340	350	354	358	362	366	370	374	378	382	386	390	
AC	- 0.000	0.003	0.003	0.138	0.120	0.302	0.305	0.102	0.021	0.006	0.000	0.000	334
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.333	0.000	0.389	0.222	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	18
AM	- 0.000	0.000	0.001	0.160	0.116	0.280	0.305	0.103	0.028	0.004	0.004	0.000	758
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.333	0.167	0.167	0.167	0.000	0.000	0.000	6
BA	- 0.000	0.004	0.004	0.088	0.109	0.335	0.312	0.109	0.028	0.005	0.003	0.003	5466
CE	- 0.000	0.003	0.000	0.142	0.107	0.302	0.304	0.110	0.028	0.004	0.000	0.000	782
ES	- 0.000	0.003	0.004	0.107	0.106	0.314	0.321	0.110	0.027	0.005	0.003	0.001	2806
GO	- 0.000	0.003	0.004	0.129	0.095	0.296	0.321	0.114	0.036	0.003	0.001	0.000	730
MA	- 0.000	0.000	0.002	0.132	0.097	0.295	0.310	0.127	0.033	0.003	0.000	0.000	606
MG	- 0.000	0.003	0.003	0.083	0.113	0.324	0.325	0.116	0.025	0.005	0.002	0.000	2318
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.080	0.140	0.320	0.320	0.120	0.020	0.000	0.000	0.000	50
MT	- 0.000	0.000	0.003	0.159	0.091	0.278	0.347	0.102	0.011	0.000	0.009	0.000	352
PA	- 0.000	0.006	0.000	0.149	0.155	0.321	0.292	0.054	0.018	0.000	0.000	0.006	168
PB	- 0.000	0.003	0.003	0.110	0.105	0.298	0.352	0.089	0.033	0.003	0.005	0.000	392
PE	- 0.000	0.000	0.004	0.112	0.129	0.299	0.298	0.108	0.038	0.010	0.003	0.000	986
PI	- 0.000	0.002	0.000	0.097	0.118	0.346	0.300	0.104	0.023	0.007	0.002	0.000	566
PR	- 0.000	0.001	0.005	0.119	0.110	0.314	0.294	0.126	0.027	0.003	0.001	0.000	874
RJ	- 0.000	0.000	0.020	0.060	0.100	0.320	0.320	0.160	0.000	0.020	0.000	0.000	50
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.250	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	4
RO	- 0.000	0.000	0.000	0.125	0.163	0.300	0.263	0.113	0.037	0.000	0.000	0.000	80
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.250	0.250	0.250	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	4
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.025	0.150	0.300	0.400	0.075	0.050	0.000	0.000	0.000	40
SC	- 0.000	0.000	0.000	0.116	0.064	0.312	0.296	0.164	0.048	0.000	0.000	0.000	250
SE	- 0.000	0.001	0.005	0.097	0.110	0.331	0.327	0.104	0.018	0.003	0.002	0.002	2844
SP	- 0.000	0.000	0.009	0.112	0.111	0.303	0.305	0.109	0.045	0.004	0.000	0.001	686
TO	- 0.000	0.000	0.004	0.090	0.119	0.320	0.324	0.107	0.029	0.004	0.004	0.000	244

Locus: D5S818

Pop	Alelos															N° de alelos
	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	71			
AC	- 0.000	0.009	0.033	0.014	0.047	0.024	0.321	0.335	0.203	0.014	0.000	0.000	0.000	0.000	212	
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.667	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	6		
AM	- 0.004	0.030	0.043	0.018	0.037	0.061	0.384	0.270	0.148	0.005	0.000	0.000	0.000	560		
AP	- 0.000	0.000	0.200	0.000	0.100	0.000	0.200	0.200	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	10		
BA	- 0.000	0.008	0.005	0.027	0.026	0.060	0.300	0.355	0.201	0.014	0.001	0.000	0.001	4124		
CE	- 0.000	0.015	0.020	0.011	0.020	0.060	0.324	0.372	0.165	0.009	0.004	0.000	0.000	546		
ES	- 0.000	0.011	0.005	0.018	0.033	0.057	0.319	0.355	0.187	0.012	0.002	0.000	0.001	1900		
GO	- 0.000	0.006	0.020	0.010	0.040	0.062	0.323	0.333	0.194	0.008	0.004	0.000	0.000	496		
MA	- 0.000	0.011	0.024	0.008	0.027	0.073	0.310	0.361	0.177	0.005	0.003	0.000	0.000	368		
MG	- 0.001	0.006	0.007	0.018	0.033	0.062	0.327	0.360	0.173	0.012	0.001	0.000	0.000	1582		
MS	- 0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.023	0.409	0.341	0.159	0.045	0.000	0.000	0.000	44		
MT	- 0.000	0.022	0.022	0.013	0.039	0.044	0.294	0.342	0.224	0.000	0.000	0.000	0.000	228		
PA	- 0.000	0.000	0.008	0.023	0.038	0.053	0.394	0.318	0.152	0.015	0.000	0.000	0.000	132		
PB	- 0.000	0.003	0.017	0.007	0.047	0.051	0.314	0.378	0.166	0.017	0.000	0.000	0.000	296		
PE	- 0.000	0.005	0.014	0.018	0.029	0.051	0.332	0.389	0.146	0.014	0.000	0.000	0.002	650		
PI	- 0.000	0.011	0.018	0.018	0.025	0.050	0.361	0.354	0.146	0.007	0.004	0.000	0.007	280		
PR	- 0.000	0.019	0.006	0.008	0.029	0.066	0.352	0.336	0.166	0.018	0.000	0.000	0.000	622		
RJ	- 0.000	0.000	0.038	0.000	0.077	0.115	0.231	0.385	0.154	0.000	0.000	0.000	0.000	26		
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.500	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	4		
RO	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.089	0.464	0.321	0.107	0.000	0.000	0.000	0.000	56		
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.750	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	4		
RS	- 0.000	0.038	0.038	0.000	0.000	0.038	0.269	0.423	0.154	0.038	0.000	0.000	0.000	26		
SC	- 0.000	0.000	0.036	0.006	0.036	0.036	0.410	0.295	0.169	0.012	0.000	0.000	0.000	166		
SE	- 0.000	0.005	0.017	0.016	0.035	0.059	0.323	0.350	0.182	0.013	0.000	0.000	0.000	1888		
SP	- 0.000	0.009	0.006	0.013	0.028	0.071	0.348	0.324	0.187	0.015	0.000	0.000	0.000	466		
TO	- 0.000	0.006	0.011	0.011	0.023	0.069	0.287	0.431	0.155	0.006	0.000	0.000	0.000	174		

Locus: D7S820

Pop	Alelos										N° de alelos				
	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15				
AC	- 0.000	0.000	0.012	0.115	0.073	0.330	0.285	0.173	0.012	0.000	0.000	330			
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.167	0.167	0.222	0.333	0.111	0.000	0.000	0.000	18			
AM	- 0.000	0.000	0.011	0.099	0.092	0.279	0.317	0.155	0.042	0.005	0.000	802			
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.300	0.300	0.200	0.100	0.000	0.000	10			
BA	- 0.000	0.000	0.013	0.170	0.114	0.298	0.219	0.152	0.030	0.004	0.000	5694			
CE	- 0.000	0.000	0.017	0.143	0.110	0.280	0.248	0.155	0.041	0.006	0.000	782			
ES	- 0.000	0.000	0.015	0.153	0.124	0.290	0.232	0.158	0.023	0.003	0.000	3008			
GO	- 0.000	0.000	0.018	0.156	0.113	0.251	0.250	0.172	0.035	0.006	0.000	720			
MA	- 0.000	0.000	0.008	0.137	0.112	0.320	0.246	0.152	0.023	0.002	0.000	606			
MG	- 0.000	0.000	0.013	0.166	0.127	0.285	0.222	0.162	0.023	0.003	0.000	2396			
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.200	0.120	0.240	0.140	0.280	0.020	0.000	0.000	50			
MT	- 0.000	0.000	0.008	0.153	0.120	0.301	0.240	0.158	0.014	0.005	0.000	366			
PA	- 0.000	0.000	0.023	0.174	0.099	0.221	0.262	0.192	0.029	0.000	0.000	172			
PB	- 0.000	0.000	0.010	0.125	0.146	0.255	0.268	0.174	0.018	0.003	0.000	384			
PE	- 0.000	0.001	0.007	0.145	0.132	0.290	0.218	0.174	0.031	0.002	0.000	1006			
PI	- 0.000	0.000	0.011	0.168	0.099	0.277	0.261	0.150	0.034	0.000	0.000	566			
PR	- 0.000	0.000	0.017	0.129	0.109	0.270	0.262	0.182	0.030	0.001	0.000	874			
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.120	0.140	0.420	0.140	0.120	0.040	0.020	0.000	50			
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.250	0.250	0.250	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	4			
RO	- 0.000	0.000	0.013	0.150	0.138	0.338	0.200	0.138	0.025	0.000	0.000	80			
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.417	0.500	0.083	0.000	0.000	0.000	12			
RS	- 0.000	0.000	0.023	0.114	0.136	0.273	0.318	0.114	0.023	0.000	0.000	44			
SC	- 0.000	0.000	0.016	0.150	0.150	0.224	0.252	0.177	0.028	0.004	0.000	254			
SE	- 0.000	0.000	0.017	0.164	0.131	0.270	0.225	0.159	0.030	0.002	0.000	2876			
SP	- 0.000	0.000	0.017	0.153	0.117	0.261	0.234	0.191	0.024	0.003	0.000	698			
TO	- 0.000	0.000	0.019	0.162	0.131	0.300	0.238	0.131	0.012	0.008	0.000	260			

Locus: D9S938

Pop	Alelos												N° de alelos
	388	392	396	400	404	408	412	416	420	424	428	432	
AC	- 0.000	0.008	0.244	0.229	0.214	0.150	0.135	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	266
AL	- 0.000	0.000	0.286	0.286	0.214	0.071	0.143	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	14
AM	- 0.001	0.018	0.375	0.160	0.189	0.140	0.101	0.014	0.001	0.000	0.000	0.000	792
AP	- 0.000	0.000	0.200	0.300	0.200	0.200	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	10
BA	- 0.000	0.023	0.166	0.248	0.242	0.144	0.144	0.031	0.002	0.000	0.000	0.000	5510
CE	- 0.000	0.030	0.230	0.182	0.249	0.138	0.150	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000	708
ES	- 0.001	0.018	0.157	0.222	0.236	0.174	0.161	0.028	0.002	0.001	0.000	0.001	2772
GO	- 0.002	0.027	0.141	0.227	0.265	0.167	0.141	0.029	0.000	0.002	0.000	0.000	660
MA	- 0.000	0.033	0.212	0.196	0.247	0.146	0.148	0.013	0.006	0.000	0.000	0.000	542
MG	- 0.000	0.015	0.144	0.247	0.239	0.163	0.152	0.036	0.002	0.000	0.000	0.000	2132
MS	- 0.000	0.000	0.119	0.238	0.190	0.167	0.262	0.024	0.000	0.000	0.000	0.000	42
MT	- 0.003	0.037	0.222	0.178	0.234	0.138	0.153	0.034	0.000	0.000	0.000	0.000	320
PA	- 0.000	0.030	0.195	0.207	0.232	0.134	0.134	0.067	0.000	0.000	0.000	0.000	164
PB	- 0.000	0.026	0.153	0.254	0.263	0.153	0.127	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	346
PE	- 0.001	0.014	0.181	0.198	0.244	0.172	0.161	0.028	0.002	0.000	0.000	0.000	940
PI	- 0.002	0.011	0.186	0.264	0.212	0.167	0.130	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000	538
PR	- 0.001	0.026	0.187	0.212	0.235	0.140	0.172	0.026	0.001	0.000	0.000	0.000	728
RJ	- 0.000	0.000	0.043	0.326	0.217	0.174	0.174	0.043	0.022	0.000	0.000	0.000	46
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.250	0.500	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4
RO	- 0.000	0.027	0.149	0.176	0.297	0.149	0.189	0.014	0.000	0.000	0.000	0.000	74
RR	- 0.000	0.000	0.167	0.333	0.083	0.333	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	12
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.225	0.350	0.100	0.250	0.075	0.000	0.000	0.000	0.000	40
SC	- 0.000	0.009	0.123	0.193	0.298	0.193	0.167	0.009	0.004	0.004	0.000	0.000	228
SE	- 0.000	0.036	0.155	0.242	0.256	0.159	0.128	0.022	0.001	0.000	0.000	0.000	2380
SP	- 0.002	0.013	0.179	0.242	0.223	0.155	0.165	0.021	0.002	0.000	0.000	0.000	632
TO	- 0.000	0.012	0.202	0.244	0.244	0.159	0.109	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000	258

Locus: D10S1237

Pop	Alelos																				n° de alelos	
	360	364	368	372	376	378	380	384	388	392	396	400	404	408	412	416	420	424	428	432		436
AC	- 0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.007	0.079	0.118	0.161	0.257	0.104	0.079	0.068	0.054	0.050	0.007	0.000	0.000	280
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.222	0.278	0.167	0.167	0.056	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000	18
AM	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000	0.003	0.046	0.087	0.226	0.219	0.131	0.113	0.079	0.061	0.032	0.001	0.000	0.000	720
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.167	0.000	0.000	0.167	0.333	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	6
BA	- 0.002	0.000	0.006	0.008	0.002	0.000	0.000	0.003	0.013	0.102	0.114	0.179	0.229	0.120	0.088	0.056	0.045	0.028	0.003	0.000	0.000	4640
CE	- 0.002	0.000	0.003	0.002	0.002	0.000	0.000	0.003	0.010	0.056	0.095	0.223	0.267	0.110	0.088	0.061	0.037	0.034	0.008	0.000	0.000	592
ES	- 0.001	0.000	0.003	0.002	0.002	0.000	0.000	0.002	0.011	0.088	0.106	0.196	0.243	0.120	0.081	0.062	0.045	0.032	0.004	0.000	0.000	2418
GO	- 0.002	0.000	0.002	0.002	0.008	0.000	0.000	0.000	0.011	0.084	0.084	0.192	0.284	0.125	0.105	0.044	0.033	0.015	0.010	0.000	0.000	522
MA	- 0.000	0.004	0.004	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	0.004	0.060	0.107	0.212	0.251	0.117	0.113	0.062	0.041	0.019	0.000	0.000	0.000	514
MG	- 0.002	0.001	0.005	0.006	0.001	0.000	0.000	0.002	0.012	0.086	0.104	0.174	0.259	0.128	0.093	0.060	0.036	0.031	0.001	0.000	0.000	2054
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.022	0.087	0.022	0.196	0.283	0.174	0.087	0.065	0.022	0.022	0.000	0.000	0.000	46
MT	- 0.000	0.000	0.000	0.003	0.003	0.000	0.003	0.000	0.014	0.038	0.117	0.210	0.262	0.128	0.083	0.045	0.055	0.038	0.000	0.000	0.000	290
PA	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.100	0.092	0.192	0.238	0.115	0.115	0.062	0.062	0.015	0.000	0.000	0.000	130
PB	- 0.000	0.000	0.000	0.003	0.003	0.000	0.000	0.000	0.003	0.049	0.088	0.175	0.308	0.104	0.094	0.097	0.049	0.026	0.000	0.000	0.000	308
PE	- 0.001	0.003	0.008	0.005	0.004	0.000	0.001	0.001	0.017	0.067	0.076	0.198	0.290	0.118	0.087	0.057	0.038	0.025	0.003	0.000	0.000	786
PI	- 0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	0.004	0.074	0.112	0.180	0.278	0.126	0.098	0.054	0.032	0.028	0.002	0.000	0.002	500
PR	- 0.000	0.000	0.004	0.000	0.004	0.000	0.003	0.000	0.004	0.047	0.075	0.188	0.310	0.139	0.082	0.050	0.056	0.036	0.003	0.000	0.000	746
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.023	0.091	0.023	0.091	0.318	0.159	0.136	0.045	0.068	0.023	0.000	0.000	0.000	44
RN	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0
RO	- 0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.078	0.125	0.141	0.234	0.109	0.172	0.047	0.031	0.031	0.000	0.000	0.000	64
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.083	0.000	0.083	0.000	0.417	0.250	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	12
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036	0.071	0.107	0.429	0.143	0.143	0.036	0.036	0.000	0.000	0.000	0.000	28
SC	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.010	0.029	0.081	0.171	0.305	0.143	0.110	0.048	0.048	0.048	0.000	0.000	0.000	210
SE	- 0.000	0.001	0.006	0.005	0.004	0.000	0.000	0.002	0.015	0.085	0.107	0.165	0.259	0.134	0.082	0.058	0.038	0.034	0.002	0.001	0.000	2388
SP	- 0.003	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.003	0.002	0.003	0.071	0.100	0.187	0.286	0.117	0.081	0.056	0.044	0.035	0.006	0.000	0.000	630
TO	- 0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.067	0.106	0.178	0.240	0.192	0.058	0.062	0.048	0.038	0.005	0.000	0.000	208

Locus: D12S391

Pop	Alelos																				N° de Alelos								
	10	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	15.3	16.1	16.3	17.1	17.2	17.3	18.1	18.2	18.3	19.1	19.2	19.3		
AC	-	0.000	0.000	0.053	0.026	0.076	0.216	0.193	0.146	0.088	0.085	0.032	0.032	0.015	0.003	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.009	0.000	0.000	0.018	0.000	0.000	0.006	342
AL	-	0.000	0.000	0.000	0.167	0.056	0.056	0.056	0.278	0.222	0.111	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	18
AM	-	0.000	0.001	0.022	0.013	0.072	0.214	0.210	0.204	0.086	0.081	0.051	0.016	0.005	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.013	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000	0.001	818
AP	-	0.000	0.000	0.100	0.100	0.000	0.000	0.400	0.100	0.100	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	10
BA	-	0.000	0.000	0.054	0.041	0.126	0.232	0.157	0.142	0.080	0.070	0.049	0.018	0.010	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.008	0.002	0.000	0.002	5710
CE	-	0.000	0.001	0.039	0.036	0.086	0.187	0.183	0.165	0.087	0.091	0.067	0.020	0.014	0.005	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.001	802
ES	-	0.000	0.000	0.049	0.045	0.105	0.221	0.157	0.150	0.086	0.090	0.054	0.018	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.006	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000	0.002	3048
GO	-	0.000	0.000	0.050	0.035	0.114	0.216	0.160	0.145	0.078	0.084	0.067	0.017	0.004	0.001	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.007	718
MA	-	0.000	0.000	0.046	0.036	0.101	0.187	0.181	0.184	0.072	0.075	0.060	0.023	0.008	0.002	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.013	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.007	614
MG	-	0.000	0.001	0.061	0.043	0.104	0.208	0.152	0.132	0.102	0.081	0.056	0.022	0.010	0.001	0.002	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.008	0.000	0.000	0.009	0.001	0.000	0.006	2402
MS	-	0.000	0.000	0.080	0.020	0.100	0.200	0.180	0.180	0.100	0.040	0.060	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	50
MT	-	0.000	0.000	0.052	0.036	0.110	0.238	0.146	0.144	0.091	0.083	0.047	0.017	0.006	0.003	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	362
PA	-	0.000	0.000	0.028	0.028	0.067	0.178	0.183	0.144	0.067	0.139	0.106	0.006	0.022	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	180
PB	-	0.000	0.000	0.033	0.048	0.128	0.209	0.199	0.102	0.077	0.084	0.066	0.015	0.013	0.003	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.013	0.000	0.000	0.003	392
PE	-	0.000	0.001	0.047	0.032	0.104	0.180	0.176	0.144	0.104	0.105	0.061	0.020	0.010	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.005	1010
PI	-	0.000	0.000	0.043	0.034	0.100	0.194	0.190	0.190	0.080	0.089	0.041	0.016	0.002	0.000	0.005	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.002	562
PR	-	0.000	0.000	0.037	0.038	0.095	0.203	0.149	0.161	0.087	0.091	0.067	0.016	0.021	0.008	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.006	886
RJ	-	0.000	0.000	0.087	0.065	0.065	0.217	0.087	0.130	0.065	0.109	0.065	0.022	0.043	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000	46
RN	-	0.000	0.000	0.250	0.250	0.250	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4
RO	-	0.000	0.000	0.013	0.053	0.132	0.171	0.171	0.145	0.053	0.066	0.079	0.066	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	76
RR	-	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0.333	0.083	0.417	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	12
RS	-	0.000	0.000	0.023	0.068	0.091	0.250	0.091	0.159	0.114	0.045	0.068	0.023	0.045	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	44
SC	-	0.000	0.008	0.052	0.032	0.072	0.216	0.140	0.144	0.144	0.056	0.032	0.032	0.012	0.008	0.004	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.024	0.000	0.000	0.008	250
SE	-	0.000	0.000	0.064	0.038	0.087	0.214	0.161	0.145	0.088	0.085	0.059	0.023	0.007	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.004	2832
SP	-	0.000	0.000	0.042	0.036	0.095	0.209	0.163	0.145	0.079	0.096	0.064	0.026	0.010	0.003	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.013	0.000	0.001	0.010	0.000	0.000	0.007	698
TO	-	0.000	0.000	0.042	0.053	0.114	0.201	0.106	0.231	0.091	0.095	0.034	0.011	0.004	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.011	0.000	0.000	0.000	264

Locus: D13S317

Pop	Alelos										N° de alelos
	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	
AC	- 0.003	0.093	0.111	0.057	0.243	0.320	0.105	0.069	0.000	0.000	334
AL	- 0.000	0.056	0.167	0.000	0.333	0.278	0.167	0.000	0.000	0.000	18
AM	- 0.003	0.081	0.144	0.058	0.235	0.263	0.139	0.079	0.000	0.000	800
AP	- 0.000	0.200	0.100	0.000	0.400	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	10
BA	- 0.000	0.072	0.069	0.039	0.288	0.337	0.137	0.058	0.001	0.000	5620
CE	- 0.003	0.108	0.079	0.052	0.295	0.288	0.126	0.048	0.001	0.000	786
ES	- 0.000	0.083	0.076	0.045	0.295	0.312	0.141	0.047	0.001	0.000	2976
GO	- 0.000	0.104	0.068	0.048	0.316	0.295	0.111	0.058	0.000	0.000	722
MA	- 0.000	0.078	0.110	0.052	0.277	0.293	0.138	0.050	0.003	0.000	618
MG	- 0.001	0.091	0.081	0.039	0.302	0.318	0.121	0.046	0.000	0.000	2372
MS	- 0.000	0.220	0.080	0.100	0.200	0.220	0.100	0.080	0.000	0.000	50
MT	- 0.000	0.097	0.086	0.069	0.290	0.279	0.135	0.044	0.000	0.000	362
PA	- 0.000	0.099	0.058	0.076	0.337	0.250	0.145	0.029	0.006	0.000	172
PB	- 0.000	0.142	0.079	0.047	0.282	0.305	0.100	0.042	0.003	0.000	380
PE	- 0.000	0.110	0.083	0.042	0.304	0.291	0.119	0.051	0.000	0.000	990
PI	- 0.000	0.083	0.087	0.051	0.301	0.309	0.123	0.045	0.002	0.000	554
PR	- 0.000	0.124	0.093	0.048	0.293	0.281	0.119	0.041	0.001	0.000	854
RJ	- 0.000	0.140	0.060	0.080	0.260	0.380	0.040	0.020	0.020	0.000	50
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.750	0.000	0.000	0.000	0.000	4
RO	- 0.000	0.053	0.053	0.066	0.316	0.303	0.158	0.053	0.000	0.000	76
RR	- 0.000	0.083	0.000	0.250	0.167	0.417	0.083	0.000	0.000	0.000	12
RS	- 0.000	0.136	0.182	0.045	0.250	0.205	0.045	0.114	0.023	0.000	44
SC	- 0.000	0.118	0.075	0.067	0.315	0.283	0.094	0.047	0.000	0.000	254
SE	- 0.000	0.094	0.062	0.038	0.295	0.325	0.129	0.055	0.001	0.001	2874
SP	- 0.000	0.118	0.097	0.048	0.284	0.276	0.140	0.037	0.000	0.000	670
TO	- 0.000	0.078	0.074	0.027	0.328	0.336	0.113	0.043	0.000	0.000	256

Locus: D16S539

Pop	Alelos										N° de alelos		
	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	18		
AC	- 0.000	0.014	0.171	0.157	0.218	0.269	0.139	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	216
AL	- 0.000	0.000	0.222	0.056	0.444	0.278	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	18
AM	- 0.000	0.029	0.196	0.118	0.251	0.242	0.143	0.022	0.000	0.000	0.000	0.000	414
AP	- 0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	2
BA	- 0.000	0.029	0.190	0.100	0.280	0.239	0.139	0.020	0.002	0.000	0.000	0.000	2750
CE	- 0.000	0.016	0.164	0.121	0.258	0.278	0.143	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	446
ES	- 0.000	0.023	0.163	0.091	0.295	0.242	0.160	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	2216
GO	- 0.000	0.022	0.163	0.082	0.299	0.263	0.134	0.034	0.000	0.000	0.002	0.000	558
MA	- 0.000	0.013	0.142	0.099	0.348	0.246	0.136	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	374
MG	- 0.000	0.028	0.190	0.070	0.280	0.260	0.154	0.018	0.001	0.000	0.001	0.000	1552
MS	- 0.000	0.033	0.233	0.033	0.233	0.300	0.133	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	30
MT	- 0.000	0.017	0.150	0.122	0.228	0.306	0.144	0.028	0.000	0.006	0.000	0.000	180
PA	- 0.000	0.049	0.189	0.107	0.262	0.221	0.148	0.025	0.000	0.000	0.000	0.000	122
PB	- 0.000	0.019	0.141	0.096	0.319	0.237	0.159	0.030	0.000	0.000	0.000	0.000	270
PE	- 0.000	0.018	0.169	0.085	0.316	0.246	0.144	0.018	0.003	0.000	0.000	0.000	598
PI	- 0.000	0.017	0.187	0.083	0.286	0.265	0.153	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	412
PR	- 0.000	0.014	0.142	0.077	0.328	0.267	0.155	0.014	0.002	0.002	0.000	0.000	640
RJ	- 0.000	0.067	0.200	0.033	0.300	0.233	0.133	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	30
RN	- 0.000	0.000	0.250	0.250	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4
RO	- 0.000	0.031	0.219	0.062	0.375	0.125	0.125	0.062	0.000	0.000	0.000	0.000	32
RR	- 0.000	0.000	0.250	0.125	0.250	0.250	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	8
RS	- 0.000	0.000	0.206	0.029	0.294	0.294	0.176	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	34
SC	- 0.000	0.011	0.121	0.042	0.316	0.321	0.168	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000	190
SE	- 0.000	0.026	0.177	0.101	0.291	0.251	0.134	0.017	0.002	0.000	0.000	0.000	2212
SP	- 0.000	0.011	0.133	0.108	0.318	0.254	0.171	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	362
TO	- 0.000	0.022	0.184	0.059	0.324	0.294	0.110	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	136

Locus: D16S753

Pop	Alelos														N° de alelos
	236	240	244	248	252	256	260	264	268	272	276	280	284	288	
AC	- 0.000	0.000	0.010	0.016	0.029	0.176	0.239	0.245	0.180	0.082	0.016	0.007	0.000	0.000	306
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.214	0.071	0.214	0.214	0.071	0.214	0.000	0.000	0.000	0.000	14
AM	- 0.000	0.000	0.001	0.017	0.045	0.142	0.311	0.226	0.176	0.057	0.021	0.003	0.000	0.000	752
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.300	0.200	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	10
BA	- 0.000	0.001	0.014	0.016	0.057	0.169	0.258	0.187	0.174	0.081	0.030	0.011	0.001	0.000	5248
CE	- 0.000	0.003	0.012	0.015	0.030	0.184	0.264	0.235	0.185	0.053	0.016	0.004	0.000	0.000	740
ES	- 0.000	0.002	0.018	0.017	0.047	0.189	0.236	0.217	0.188	0.062	0.018	0.006	0.002	0.000	2508
GO	- 0.000	0.000	0.008	0.014	0.046	0.143	0.279	0.245	0.178	0.059	0.018	0.010	0.000	0.000	628
MA	- 0.000	0.006	0.010	0.013	0.056	0.172	0.293	0.192	0.180	0.056	0.015	0.006	0.002	0.000	522
MG	- 0.000	0.001	0.014	0.019	0.050	0.188	0.239	0.219	0.179	0.060	0.019	0.008	0.002	0.000	2138
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.062	0.104	0.146	0.333	0.167	0.188	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	48
MT	- 0.000	0.006	0.015	0.018	0.069	0.171	0.228	0.228	0.189	0.051	0.021	0.006	0.000	0.000	334
PA	- 0.000	0.000	0.000	0.030	0.037	0.146	0.244	0.226	0.268	0.049	0.000	0.000	0.000	0.000	164
PB	- 0.000	0.003	0.014	0.025	0.051	0.157	0.242	0.213	0.216	0.056	0.011	0.006	0.006	0.000	356
PE	- 0.000	0.001	0.016	0.015	0.055	0.158	0.279	0.198	0.164	0.078	0.030	0.006	0.001	0.000	894
PI	- 0.000	0.003	0.005	0.011	0.060	0.190	0.217	0.231	0.173	0.066	0.030	0.011	0.003	0.000	364
PR	- 0.000	0.001	0.002	0.025	0.053	0.200	0.246	0.209	0.200	0.054	0.006	0.004	0.000	0.000	838
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.029	0.000	0.176	0.324	0.294	0.088	0.059	0.029	0.000	0.000	0.000	34
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.250	0.250	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	4
RO	- 0.000	0.000	0.015	0.015	0.059	0.235	0.324	0.191	0.118	0.029	0.015	0.000	0.000	0.000	68
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.083	0.250	0.167	0.167	0.083	0.000	0.083	0.000	0.000	12
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.024	0.190	0.405	0.119	0.190	0.048	0.000	0.024	0.000	0.000	42
SC	- 0.000	0.000	0.010	0.031	0.042	0.208	0.214	0.214	0.198	0.078	0.000	0.005	0.000	0.000	192
SE	- 0.000	0.004	0.015	0.021	0.063	0.163	0.243	0.199	0.174	0.076	0.031	0.011	0.000	0.000	2526
SP	- 0.000	0.000	0.011	0.020	0.063	0.192	0.262	0.180	0.190	0.065	0.009	0.008	0.000	0.000	646
TO	- 0.000	0.009	0.005	0.005	0.037	0.176	0.287	0.208	0.185	0.056	0.028	0.005	0.000	0.000	216

Locus: D21S1437

Pop	Alelos														N° de alelos
	105	109	113	117	121	125	129	133	137	141	144	145	149		
AC	- 0.000	0.003	0.029	0.149	0.085	0.082	0.330	0.158	0.132	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	342
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.167	0.056	0.056	0.278	0.333	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000	18	
AM	- 0.000	0.006	0.021	0.114	0.093	0.095	0.278	0.194	0.151	0.041	0.000	0.007	0.000	814	
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.167	0.333	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	6	
BA	- 0.001	0.024	0.048	0.188	0.096	0.086	0.313	0.122	0.096	0.023	0.000	0.002	0.000	5636	
CE	- 0.001	0.007	0.033	0.144	0.087	0.081	0.325	0.171	0.122	0.028	0.000	0.000	0.000	800	
ES	- 0.000	0.016	0.045	0.166	0.087	0.100	0.333	0.128	0.094	0.028	0.000	0.004	0.000	2988	
GO	- 0.001	0.018	0.022	0.128	0.077	0.079	0.362	0.166	0.123	0.024	0.000	0.000	0.000	718	
MA	- 0.000	0.021	0.047	0.150	0.087	0.099	0.330	0.139	0.091	0.029	0.000	0.006	0.000	618	
MG	- 0.001	0.019	0.039	0.161	0.086	0.092	0.340	0.137	0.101	0.024	0.000	0.001	0.000	2388	
MS	- 0.000	0.000	0.020	0.140	0.040	0.020	0.400	0.140	0.160	0.080	0.000	0.000	0.000	50	
MT	- 0.000	0.030	0.017	0.116	0.077	0.091	0.329	0.171	0.135	0.028	0.000	0.006	0.000	362	
PA	- 0.011	0.011	0.028	0.153	0.102	0.057	0.312	0.136	0.125	0.057	0.000	0.006	0.000	176	
PB	- 0.000	0.003	0.018	0.156	0.059	0.074	0.347	0.163	0.156	0.026	0.000	0.000	0.000	392	
PE	- 0.000	0.015	0.047	0.146	0.096	0.068	0.332	0.133	0.123	0.037	0.000	0.002	0.000	998	
PI	- 0.000	0.018	0.037	0.149	0.101	0.096	0.304	0.158	0.101	0.027	0.000	0.007	0.000	562	
PR	- 0.000	0.008	0.029	0.122	0.063	0.088	0.381	0.151	0.130	0.028	0.001	0.000	0.000	872	
RJ	- 0.000	0.020	0.020	0.140	0.060	0.060	0.300	0.180	0.140	0.060	0.000	0.020	0.000	50	
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.250	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	4	
RO	- 0.000	0.053	0.026	0.118	0.092	0.132	0.316	0.079	0.145	0.039	0.000	0.000	0.000	76	
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.250	0.167	0.083	0.333	0.083	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	12	
RS	- 0.000	0.023	0.023	0.159	0.068	0.023	0.318	0.159	0.159	0.045	0.000	0.023	0.000	44	
SC	- 0.000	0.000	0.024	0.130	0.061	0.089	0.341	0.154	0.167	0.024	0.004	0.004	0.000	246	
SE	- 0.001	0.015	0.041	0.167	0.090	0.097	0.313	0.134	0.116	0.022	0.000	0.003	0.000	2896	
SP	- 0.000	0.009	0.020	0.159	0.066	0.088	0.365	0.134	0.131	0.023	0.001	0.004	0.000	694	
TO	- 0.000	0.011	0.034	0.148	0.110	0.076	0.318	0.152	0.117	0.027	0.000	0.008	0.000	264	

Locus: D22S534

Pop	Alelos													N° de alelos
	465	469	473	477	481	485	489	493	497	501	505	509		
AC	- 0.000	0.003	0.003	0.000	0.040	0.262	0.443	0.154	0.091	0.003	0.000	0.000	298	
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.500	0.333	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	18	
AM	- 0.000	0.004	0.001	0.003	0.042	0.384	0.407	0.101	0.050	0.007	0.001	0.000	742	
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.500	0.400	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	10	
BA	- 0.000	0.001	0.002	0.001	0.062	0.303	0.370	0.193	0.061	0.005	0.000	0.000	5246	
CE	- 0.003	0.000	0.003	0.000	0.067	0.338	0.410	0.107	0.060	0.014	0.000	0.000	720	
ES	- 0.000	0.000	0.003	0.001	0.056	0.301	0.392	0.166	0.074	0.006	0.000	0.001	2816	
GO	- 0.000	0.004	0.003	0.000	0.069	0.300	0.373	0.176	0.070	0.004	0.001	0.000	700	
MA	- 0.000	0.000	0.000	0.002	0.047	0.336	0.421	0.140	0.049	0.005	0.000	0.000	572	
MG	- 0.001	0.002	0.002	0.003	0.060	0.303	0.403	0.162	0.060	0.004	0.000	0.000	2278	
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.438	0.250	0.146	0.083	0.042	0.000	0.000	48	
MT	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.038	0.338	0.405	0.142	0.072	0.006	0.000	0.000	346	
PA	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.034	0.345	0.399	0.142	0.054	0.027	0.000	0.000	148	
PB	- 0.000	0.005	0.000	0.000	0.066	0.303	0.445	0.129	0.050	0.000	0.003	0.000	380	
PE	- 0.000	0.004	0.003	0.000	0.060	0.313	0.393	0.160	0.060	0.005	0.001	0.000	936	
PI	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.062	0.328	0.393	0.137	0.071	0.009	0.000	0.000	534	
PR	- 0.000	0.000	0.005	0.000	0.058	0.307	0.423	0.133	0.069	0.005	0.000	0.000	792	
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.087	0.261	0.500	0.109	0.022	0.022	0.000	0.000	46	
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.250	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4	
RO	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.078	0.328	0.484	0.109	0.000	0.000	0.000	0.000	64	
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.500	0.167	0.083	0.000	0.000	0.000	12	
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.300	0.400	0.100	0.075	0.000	0.000	0.000	40	
SC	- 0.000	0.005	0.005	0.014	0.059	0.300	0.405	0.127	0.086	0.000	0.000	0.000	220	
SE	- 0.000	0.002	0.002	0.001	0.061	0.325	0.364	0.176	0.063	0.005	0.000	0.000	2756	
SP	- 0.000	0.000	0.003	0.003	0.061	0.334	0.399	0.140	0.057	0.003	0.000	0.000	652	
TO	- 0.000	0.004	0.000	0.000	0.054	0.289	0.409	0.190	0.054	0.000	0.000	0.000	242	

Locus: D22S689

Pop	Alelos															N° de alelos	
	190	194	198	202	206	210	212	214	216	218	220	222	224	226	230		
AC	- 0.000	0.005	0.000	0.030	0.071	0.116	0.000	0.303	0.005	0.298	0.000	0.131	0.000	0.035	0.005	198	
AL	- 0.000	0.000	0.071	0.000	0.071	0.000	0.000	0.214	0.000	0.429	0.000	0.143	0.000	0.071	0.000	14	
AM	- 0.000	0.012	0.002	0.014	0.040	0.083	0.000	0.341	0.002	0.333	0.002	0.137	0.000	0.028	0.006	504	
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.125	0.000	0.125	0.000	0.250	0.000	0.250	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	8	
BA	- 0.000	0.012	0.008	0.018	0.087	0.100	0.001	0.287	0.009	0.310	0.006	0.123	0.002	0.032	0.005	3974	
CE	- 0.000	0.006	0.002	0.035	0.056	0.091	0.002	0.307	0.000	0.328	0.006	0.131	0.000	0.031	0.006	540	
ES	- 0.000	0.008	0.005	0.018	0.081	0.089	0.001	0.305	0.006	0.317	0.005	0.129	0.000	0.035	0.002	2200	
GO	- 0.000	0.011	0.011	0.017	0.064	0.121	0.002	0.292	0.004	0.314	0.004	0.133	0.000	0.028	0.000	472	
MA	- 0.000	0.016	0.003	0.021	0.069	0.090	0.000	0.315	0.003	0.344	0.005	0.111	0.000	0.021	0.003	378	
MG	- 0.000	0.015	0.003	0.015	0.079	0.120	0.000	0.276	0.005	0.309	0.003	0.131	0.001	0.037	0.005	1516	
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.038	0.038	0.038	0.000	0.500	0.000	0.269	0.000	0.038	0.000	0.077	0.000	26	
MT	- 0.000	0.014	0.000	0.028	0.075	0.070	0.000	0.332	0.000	0.313	0.005	0.136	0.000	0.028	0.000	214	
PA	- 0.000	0.000	0.000	0.009	0.056	0.046	0.000	0.315	0.000	0.370	0.000	0.130	0.000	0.065	0.009	108	
PB	- 0.000	0.000	0.011	0.033	0.063	0.107	0.000	0.326	0.000	0.289	0.011	0.137	0.000	0.022	0.000	270	
PE	- 0.000	0.017	0.005	0.023	0.068	0.119	0.000	0.305	0.005	0.305	0.006	0.112	0.002	0.029	0.005	658	
PI	- 0.000	0.017	0.012	0.022	0.077	0.097	0.000	0.313	0.007	0.323	0.005	0.097	0.002	0.025	0.000	402	
PR	- 0.000	0.006	0.006	0.012	0.073	0.099	0.000	0.326	0.004	0.322	0.000	0.109	0.000	0.043	0.000	494	
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.118	0.118	0.000	0.382	0.000	0.206	0.029	0.147	0.000	0.000	0.000	34	
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.250	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4	
RO	- 0.000	0.000	0.000	0.017	0.086	0.138	0.000	0.276	0.017	0.293	0.000	0.155	0.000	0.017	0.000	58	
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.375	0.000	0.375	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	8	
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.167	0.000	0.222	0.000	0.222	0.000	0.222	0.000	0.111	0.000	18	
SC	- 0.000	0.000	0.005	0.031	0.052	0.094	0.000	0.292	0.000	0.344	0.000	0.156	0.000	0.026	0.000	192	
SE	- 0.000	0.011	0.004	0.023	0.064	0.085	0.000	0.327	0.006	0.318	0.004	0.126	0.001	0.028	0.003	1926	
SP	- 0.000	0.010	0.012	0.030	0.062	0.136	0.002	0.332	0.000	0.280	0.002	0.106	0.000	0.025	0.002	404	
TO	- 0.000	0.017	0.000	0.011	0.057	0.109	0.000	0.345	0.000	0.264	0.000	0.155	0.000	0.034	0.006	174	

Locus: TH01

Pop	Alelos										N° de alelos
	4	5	6	7	8	9	10	11	9.3		
AC	- 0.000	0.000	0.247	0.283	0.107	0.146	0.003	0.000	0.214	336	
AL	- 0.000	0.000	0.333	0.222	0.111	0.222	0.000	0.000	0.111	18	
AM	- 0.000	0.001	0.284	0.292	0.086	0.115	0.004	0.000	0.218	806	
AP	- 0.000	0.000	0.300	0.200	0.100	0.200	0.000	0.000	0.200	10	
BA	- 0.000	0.003	0.191	0.283	0.180	0.156	0.005	0.000	0.183	5704	
CE	- 0.000	0.000	0.225	0.264	0.136	0.159	0.004	0.000	0.213	788	
ES	- 0.000	0.002	0.209	0.268	0.164	0.158	0.002	0.000	0.196	3046	
GO	- 0.000	0.000	0.204	0.244	0.138	0.171	0.004	0.000	0.238	730	
MA	- 0.000	0.000	0.216	0.269	0.116	0.166	0.005	0.000	0.228	610	
MG	- 0.000	0.002	0.186	0.264	0.163	0.173	0.004	0.000	0.209	2386	
MS	- 0.000	0.000	0.220	0.240	0.120	0.200	0.000	0.000	0.220	50	
MT	- 0.000	0.000	0.250	0.233	0.151	0.125	0.009	0.000	0.233	344	
PA	- 0.000	0.000	0.202	0.256	0.155	0.149	0.006	0.000	0.232	168	
PB	- 0.003	0.005	0.182	0.259	0.154	0.169	0.003	0.000	0.226	390	
PE	- 0.000	0.001	0.206	0.250	0.154	0.169	0.005	0.000	0.216	1002	
PI	- 0.000	0.000	0.240	0.240	0.141	0.141	0.002	0.000	0.235	566	
PR	- 0.000	0.001	0.239	0.191	0.131	0.148	0.007	0.000	0.283	886	
RJ	- 0.000	0.000	0.196	0.174	0.109	0.217	0.000	0.000	0.304	46	
RN	- 0.000	0.000	0.250	0.750	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	4	
RO	- 0.000	0.000	0.175	0.263	0.163	0.188	0.000	0.000	0.212	80	
RR	- 0.000	0.000	0.167	0.250	0.333	0.000	0.000	0.000	0.250	12	
RS	- 0.000	0.000	0.091	0.159	0.182	0.136	0.023	0.000	0.409	44	
SC	- 0.000	0.000	0.236	0.180	0.112	0.180	0.000	0.000	0.292	250	
SE	- 0.001	0.001	0.176	0.259	0.180	0.173	0.004	0.000	0.206	2900	
SP	- 0.000	0.000	0.210	0.256	0.168	0.150	0.006	0.001	0.210	692	
TO	- 0.000	0.000	0.223	0.277	0.142	0.131	0.000	0.000	0.227	260	

Anexo 16 – Tabelas de Frequências alélicas Conjunto de Dados 2

Locus: D2S1338

Pop	Alelos																N° de alelos
	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	
AC	- 0.003	0.001	0.000	0.050	0.207	0.068	0.123	0.147	0.051	0.081	0.115	0.078	0.060	0.014	0.001	0.000	702
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.342	0.053	0.211	0.053	0.026	0.053	0.053	0.105	0.053	0.053	0.000	0.000	38
AM	- 0.001	0.001	0.001	0.037	0.199	0.072	0.163	0.118	0.037	0.080	0.133	0.077	0.071	0.008	0.001	0.000	1554
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.176	0.147	0.147	0.088	0.059	0.147	0.118	0.088	0.029	0.000	0.000	0.000	34
BA	- 0.000	0.000	0.001	0.049	0.183	0.069	0.127	0.128	0.077	0.094	0.112	0.082	0.058	0.017	0.003	0.000	10624
CE	- 0.001	0.000	0.001	0.038	0.195	0.078	0.137	0.123	0.048	0.079	0.134	0.088	0.056	0.016	0.005	0.000	1526
ES	- 0.000	0.000	0.001	0.045	0.191	0.070	0.125	0.130	0.066	0.082	0.117	0.086	0.068	0.017	0.002	0.000	6148
GO	- 0.000	0.000	0.003	0.051	0.191	0.079	0.127	0.123	0.051	0.062	0.131	0.083	0.081	0.015	0.003	0.000	1280
MA	- 0.000	0.002	0.001	0.038	0.192	0.077	0.133	0.118	0.069	0.082	0.117	0.083	0.074	0.013	0.000	0.000	1356
MG	- 0.000	0.000	0.002	0.046	0.211	0.075	0.127	0.130	0.068	0.067	0.108	0.077	0.068	0.021	0.002	0.000	4640
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.048	0.260	0.115	0.096	0.115	0.077	0.038	0.087	0.087	0.038	0.029	0.010	0.000	104
MT	- 0.000	0.000	0.005	0.033	0.234	0.071	0.120	0.130	0.059	0.087	0.111	0.052	0.081	0.014	0.001	0.001	728
PA	- 0.000	0.000	0.003	0.055	0.221	0.097	0.081	0.127	0.068	0.075	0.091	0.094	0.062	0.026	0.000	0.000	308
PB	- 0.000	0.001	0.001	0.041	0.236	0.092	0.118	0.114	0.069	0.068	0.098	0.088	0.058	0.011	0.005	0.000	738
PE	- 0.000	0.001	0.001	0.054	0.213	0.069	0.137	0.113	0.053	0.077	0.100	0.086	0.069	0.025	0.002	0.000	1846
PI	- 0.000	0.000	0.000	0.040	0.188	0.087	0.131	0.147	0.060	0.080	0.108	0.087	0.058	0.015	0.000	0.000	1232
PR	- 0.000	0.001	0.001	0.053	0.232	0.091	0.136	0.116	0.043	0.055	0.107	0.071	0.077	0.016	0.002	0.000	1472
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.043	0.228	0.054	0.174	0.130	0.076	0.022	0.109	0.087	0.043	0.033	0.000	0.000	92
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.071	0.286	0.071	0.143	0.000	0.143	0.000	0.286	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	14
RO	- 0.000	0.000	0.000	0.032	0.215	0.070	0.101	0.165	0.051	0.095	0.127	0.082	0.051	0.006	0.006	0.000	158
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.028	0.361	0.028	0.139	0.083	0.028	0.028	0.111	0.056	0.139	0.000	0.000	0.000	36
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.020	0.147	0.078	0.186	0.196	0.029	0.059	0.108	0.069	0.069	0.029	0.010	0.000	102
SC	- 0.000	0.000	0.002	0.045	0.250	0.083	0.108	0.133	0.045	0.041	0.117	0.063	0.081	0.023	0.009	0.000	444
SE	- 0.000	0.000	0.001	0.045	0.200	0.070	0.121	0.137	0.067	0.079	0.103	0.094	0.063	0.018	0.002	0.000	5860
SP	- 0.000	0.002	0.003	0.044	0.221	0.081	0.136	0.117	0.055	0.067	0.117	0.083	0.056	0.015	0.002	0.000	1224

Locus: D3S1358

Pop	Alelos															N° de alelos
	8	9	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	15.2	
AC	- 0.000	0.000	0.000	0.002	0.005	0.073	0.330	0.304	0.167	0.103	0.016	0.002	0.000	0.000	0.000	642
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.158	0.184	0.289	0.158	0.184	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	38
AM	- 0.000	0.000	0.000	0.001	0.001	0.060	0.401	0.291	0.157	0.080	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000	1462
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.412	0.235	0.206	0.118	0.029	0.000	0.000	0.000	0.000	34
BA	- 0.000	0.000	0.001	0.002	0.004	0.100	0.305	0.286	0.203	0.090	0.008	0.001	0.000	0.000	0.000	9738
CE	- 0.001	0.000	0.000	0.003	0.005	0.088	0.299	0.289	0.191	0.110	0.013	0.001	0.000	0.000	0.000	1454
ES	- 0.000	0.000	0.001	0.003	0.004	0.095	0.298	0.279	0.211	0.099	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	5660
GO	- 0.000	0.001	0.000	0.003	0.005	0.106	0.294	0.264	0.208	0.109	0.009	0.001	0.001	0.000	0.000	1242
MA	- 0.000	0.000	0.000	0.004	0.006	0.088	0.334	0.272	0.174	0.113	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	1302
MG	- 0.000	0.000	0.000	0.003	0.004	0.095	0.281	0.274	0.218	0.113	0.009	0.001	0.000	0.000	0.000	4356
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.109	0.261	0.228	0.250	0.152	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	92
MT	- 0.000	0.000	0.000	0.001	0.003	0.097	0.321	0.261	0.196	0.112	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000	708
PA	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.092	0.323	0.266	0.209	0.103	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	282
PB	- 0.000	0.000	0.001	0.004	0.003	0.089	0.297	0.261	0.190	0.140	0.014	0.000	0.000	0.000	0.000	706
PE	- 0.000	0.000	0.002	0.001	0.002	0.089	0.308	0.284	0.202	0.097	0.015	0.001	0.001	0.000	0.000	1702
PI	- 0.000	0.000	0.000	0.007	0.005	0.096	0.318	0.286	0.164	0.111	0.008	0.004	0.000	0.000	0.000	1216
PR	- 0.000	0.000	0.001	0.001	0.002	0.092	0.298	0.253	0.209	0.133	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	1386
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.080	0.330	0.284	0.193	0.102	0.011	0.000	0.000	0.000	0.000	88
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.167	0.333	0.278	0.111	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	18
RO	- 0.000	0.000	0.000	0.007	0.007	0.067	0.313	0.306	0.187	0.097	0.007	0.007	0.000	0.000	0.000	134
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.417	0.194	0.083	0.194	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	36
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.105	0.326	0.221	0.209	0.105	0.012	0.012	0.000	0.000	0.000	86
SC	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.107	0.299	0.270	0.180	0.128	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	422
SE	- 0.000	0.000	0.000	0.002	0.004	0.094	0.296	0.267	0.203	0.124	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	5596
SP	- 0.000	0.000	0.001	0.000	0.004	0.103	0.301	0.255	0.207	0.118	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	1180
TO	- 0.000	0.000	0.000	0.002	0.008	0.104	0.305	0.282	0.186	0.108	0.004	0.002	0.000	0.000	0.000	528

Locus: D3S2387

Pop	Alelos																					N° de alelos												
	160	162	164	166	168	170	172	174	176	178	180	182	184	186	188	190	192	194	196	198	200		202	204	206	208	210	212	214	216	218	220		
AC	-	0.002	0.000	0.000	0.000	0.003	0.017	0.016	0.000	0.112	0.000	0.071	0.005	0.107	0.007	0.083	0.024	0.135	0.022	0.154	0.014	0.119	0.000	0.064	0.002	0.035	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	578
AL	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.045	0.000	0.091	0.000	0.091	0.045	0.045	0.000	0.136	0.000	0.227	0.000	0.182	0.000	0.091	0.000	0.000	0.000	0.045	0.000	0.000	0.000	0.000	22	
AM	-	0.001	0.000	0.000	0.000	0.001	0.007	0.012	0.000	0.118	0.000	0.100	0.004	0.116	0.004	0.077	0.010	0.140	0.015	0.151	0.011	0.127	0.001	0.061	0.002	0.031	0.001	0.004	0.000	0.003	0.000	0.000	1334	
AP	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.071	0.000	0.071	0.000	0.214	0.000	0.071	0.000	0.143	0.000	0.000	0.000	0.143	0.143	0.071	0.000	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	14		
BA	-	0.002	0.000	0.000	0.000	0.003	0.038	0.011	0.000	0.058	0.004	0.081	0.008	0.100	0.005	0.114	0.029	0.126	0.034	0.142	0.022	0.117	0.012	0.053	0.005	0.027	0.001	0.007	0.000	0.000	0.000	9196		
CE	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.013	0.004	0.000	0.080	0.001	0.080	0.002	0.095	0.001	0.093	0.012	0.134	0.010	0.198	0.013	0.126	0.006	0.070	0.004	0.043	0.000	0.012	0.002	0.003	0.000	0.000	1194	
ES	-	0.001	0.000	0.000	0.000	0.001	0.024	0.009	0.000	0.070	0.002	0.073	0.005	0.099	0.004	0.112	0.026	0.137	0.027	0.162	0.017	0.118	0.012	0.056	0.004	0.029	0.001	0.008	0.000	0.002	0.001	0.000	4640	
GO	-	0.000	0.000	0.001	0.000	0.002	0.014	0.005	0.002	0.049	0.003	0.080	0.006	0.087	0.004	0.094	0.017	0.171	0.025	0.178	0.007	0.145	0.010	0.068	0.001	0.021	0.001	0.006	0.000	0.001	0.001	0.000	996	
MA	-	0.002	0.000	0.000	0.001	0.001	0.014	0.011	0.000	0.074	0.002	0.073	0.008	0.111	0.007	0.093	0.019	0.151	0.019	0.146	0.016	0.131	0.008	0.066	0.003	0.034	0.000	0.007	0.001	0.002	0.001	0.000	1076	
MG	-	0.002	0.000	0.001	0.000	0.001	0.021	0.007	0.000	0.054	0.002	0.071	0.006	0.107	0.002	0.099	0.019	0.132	0.023	0.175	0.013	0.146	0.011	0.065	0.004	0.026	0.001	0.010	0.001	0.001	0.000	0.000	3812	
MS	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011	0.000	0.106	0.000	0.053	0.000	0.096	0.000	0.085	0.000	0.170	0.011	0.245	0.000	0.160	0.000	0.021	0.000	0.021	0.000	0.000	0.000	0.011	0.000	0.000	94	
MT	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	0.018	0.005	0.000	0.080	0.002	0.072	0.006	0.102	0.005	0.123	0.019	0.116	0.011	0.186	0.003	0.135	0.003	0.070	0.002	0.035	0.000	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	628	
PA	-	0.004	0.000	0.000	0.000	0.000	0.015	0.011	0.000	0.098	0.000	0.080	0.004	0.102	0.000	0.083	0.011	0.140	0.015	0.144	0.019	0.129	0.011	0.102	0.000	0.015	0.000	0.008	0.000	0.008	0.000	0.000	264	
PB	-	0.000	0.002	0.000	0.000	0.000	0.015	0.007	0.000	0.061	0.002	0.084	0.002	0.099	0.012	0.084	0.026	0.155	0.009	0.179	0.010	0.138	0.009	0.063	0.000	0.039	0.002	0.002	0.000	0.000	0.000	0.002	586	
PE	-	0.002	0.000	0.002	0.000	0.000	0.018	0.007	0.001	0.073	0.002	0.081	0.003	0.101	0.009	0.098	0.025	0.144	0.020	0.149	0.013	0.133	0.004	0.067	0.001	0.035	0.001	0.008	0.001	0.001	0.000	0.000	1486	
PI	-	0.001	0.000	0.000	0.000	0.001	0.017	0.007	0.000	0.076	0.000	0.051	0.006	0.103	0.003	0.110	0.016	0.131	0.019	0.160	0.014	0.146	0.011	0.083	0.004	0.029	0.001	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	700	
PR	-	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.002	0.000	0.082	0.001	0.073	0.001	0.101	0.000	0.100	0.011	0.139	0.012	0.207	0.003	0.144	0.004	0.072	0.001	0.025	0.001	0.007	0.000	0.001	0.001	0.000	1384	
RJ	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.015	0.000	0.059	0.015	0.074	0.000	0.088	0.000	0.118	0.000	0.162	0.000	0.162	0.029	0.147	0.000	0.103	0.000	0.015	0.000	0.000	0.000	0.015	0.000	0.000	68	
RN	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.071	0.000	0.286	0.000	0.071	0.000	0.071	0.000	0.143	0.000	0.357	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	14	
RO	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.015	0.000	0.100	0.000	0.108	0.000	0.077	0.000	0.092	0.015	0.123	0.023	0.208	0.038	0.092	0.008	0.031	0.008	0.015	0.000	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	130	
RR	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.083	0.000	0.167	0.000	0.167	0.000	0.083	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	12	
RS	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.037	0.000	0.061	0.000	0.085	0.000	0.098	0.000	0.207	0.000	0.207	0.012	0.171	0.000	0.085	0.000	0.000	0.000	0.024	0.000	0.000	0.000	0.000	82	
SC	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.064	0.000	0.064	0.003	0.092	0.003	0.107	0.003	0.129	0.003	0.178	0.000	0.221	0.000	0.086	0.000	0.025	0.003	0.012	0.000	0.003	0.000	0.000	326	
SE	-	0.002	0.000	0.000	0.000	0.001	0.021	0.006	0.000	0.066	0.001	0.070	0.005	0.113	0.005	0.119	0.025	0.132	0.023	0.155	0.016	0.115	0.005	0.072	0.002	0.032	0.000	0.009	0.000	0.002	0.000	0.000	4572	
SP	-	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.013	0.006	0.000	0.057	0.001	0.068	0.003	0.106	0.003	0.109	0.013	0.134	0.009	0.185	0.007	0.163	0.003	0.063	0.002	0.039	0.002	0.007	0.001	0.000	0.003	0.001	1072	
TO	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	0.010	0.008	0.000	0.084	0.000	0.082	0.000	0.098	0.004	0.126	0.013	0.138	0.027	0.161	0.006	0.134	0.015	0.069	0.002	0.010	0.002	0.006	0.002	0.000	0.000	0.000	478	

Locus: D3S2406

Pop	Alelos																																Nº de alelos			
	284	288	292	296	300	302	304	306	308	310	312	314	316	318	320	322	324	326	328	332	336	340	344	348	352	356	360	364	368	372						
AC	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.010	0.000	0.016	0.000	0.074	0.002	0.067	0.000	0.120	0.000	0.115	0.000	0.096	0.104	0.114	0.128	0.082	0.045	0.013	0.008	0.002	0.002	0.000	0.000	0.000	624			
AL	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.107	0.000	0.179	0.000	0.107	0.000	0.071	0.000	0.036	0.250	0.143	0.107	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	28				
AM	-	0.000	0.000	0.000	0.001	0.003	0.000	0.008	0.000	0.043	0.000	0.098	0.000	0.083	0.000	0.101	0.000	0.100	0.000	0.079	0.110	0.115	0.121	0.060	0.045	0.017	0.012	0.003	0.001	0.001	0.000	1324				
AP	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000	0.067	0.000	0.100	0.000	0.133	0.000	0.033	0.000	0.067	0.233	0.100	0.133	0.067	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	30					
BA	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.004	0.000	0.014	0.000	0.024	0.002	0.090	0.002	0.124	0.000	0.132	0.000	0.137	0.000	0.106	0.095	0.087	0.076	0.050	0.025	0.019	0.008	0.003	0.001	0.000	0.000	8810				
CE	-	0.000	0.000	0.000	0.001	0.002	0.000	0.014	0.002	0.034	0.002	0.074	0.002	0.120	0.000	0.105	0.000	0.140	0.000	0.092	0.095	0.089	0.089	0.073	0.036	0.017	0.013	0.002	0.000	0.000	0.000	1318				
ES	-	0.000	0.000	0.000	0.001	0.004	0.000	0.012	0.000	0.029	0.001	0.077	0.002	0.116	0.000	0.134	0.000	0.130	0.000	0.100	0.110	0.085	0.084	0.052	0.028	0.019	0.010	0.004	0.002	0.000	0.001	5150				
GO	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.004	0.000	0.011	0.000	0.027	0.002	0.090	0.001	0.104	0.000	0.121	0.000	0.147	0.000	0.112	0.106	0.087	0.080	0.057	0.025	0.011	0.004	0.006	0.004	0.000	0.000	1132				
MA	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.014	0.000	0.028	0.002	0.089	0.000	0.085	0.000	0.097	0.000	0.134	0.001	0.101	0.122	0.100	0.104	0.052	0.038	0.020	0.009	0.002	0.002	0.001	0.001	1242				
MG	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.011	0.001	0.022	0.001	0.078	0.001	0.125	0.000	0.129	0.000	0.132	0.000	0.111	0.099	0.087	0.097	0.052	0.025	0.015	0.008	0.003	0.001	0.001	0.000	4132				
MS	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.000	0.021	0.000	0.064	0.000	0.064	0.000	0.064	0.000	0.170	0.000	0.074	0.117	0.106	0.213	0.043	0.021	0.032	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	94				
MT	-	0.000	0.000	0.000	0.002	0.008	0.000	0.016	0.000	0.018	0.000	0.065	0.000	0.122	0.000	0.122	0.000	0.114	0.000	0.091	0.121	0.090	0.116	0.073	0.011	0.021	0.002	0.003	0.002	0.003	0.000	614				
PA	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.004	0.000	0.023	0.000	0.100	0.000	0.085	0.000	0.112	0.000	0.142	0.000	0.115	0.092	0.112	0.119	0.054	0.012	0.023	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000	260				
PB	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.013	0.000	0.025	0.000	0.063	0.000	0.108	0.000	0.108	0.000	0.127	0.000	0.139	0.078	0.121	0.091	0.048	0.034	0.024	0.009	0.003	0.000	0.000	0.000	668				
PE	-	0.000	0.000	0.000	0.001	0.004	0.000	0.016	0.000	0.037	0.002	0.087	0.001	0.121	0.001	0.121	0.000	0.141	0.000	0.105	0.093	0.079	0.080	0.055	0.027	0.019	0.006	0.002	0.000	0.000	0.000	1566				
PI	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.020	0.003	0.027	0.000	0.084	0.001	0.110	0.000	0.109	0.000	0.120	0.000	0.088	0.106	0.094	0.081	0.067	0.037	0.026	0.013	0.005	0.001	0.000	0.000	1116				
PR	-	0.000	0.000	0.000	0.001	0.001	0.000	0.013	0.001	0.023	0.001	0.077	0.000	0.105	0.000	0.109	0.000	0.114	0.000	0.125	0.113	0.113	0.095	0.055	0.030	0.014	0.005	0.004	0.002	0.000	0.000	1244				
RJ	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.013	0.000	0.013	0.000	0.038	0.000	0.115	0.000	0.115	0.000	0.115	0.000	0.115	0.115	0.154	0.051	0.064	0.064	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	78				
RN	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.200	0.000	0.100	0.000	0.000	0.100	0.000	0.200	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	10				
RO	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.014	0.000	0.028	0.000	0.056	0.000	0.120	0.000	0.106	0.000	0.169	0.000	0.056	0.113	0.070	0.077	0.092	0.042	0.028	0.007	0.000	0.014	0.000	0.000	142				
RR	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.125	0.000	0.125	0.000	0.083	0.000	0.208	0.000	0.125	0.042	0.083	0.042	0.042	0.042	0.042	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	24				
RS	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037	0.000	0.110	0.012	0.122	0.000	0.146	0.000	0.085	0.000	0.073	0.098	0.098	0.073	0.061	0.037	0.024	0.012	0.012	0.000	0.000	0.000	82				
SC	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000	0.026	0.002	0.067	0.002	0.100	0.000	0.131	0.000	0.100	0.000	0.100	0.117	0.093	0.119	0.071	0.029	0.014	0.007	0.002	0.002	0.002	0.000	420				
SE	-	0.000	0.001	0.000	0.000	0.003	0.000	0.018	0.000	0.038	0.001	0.085	0.001	0.114	0.000	0.126	0.000	0.135	0.000	0.104	0.093	0.087	0.080	0.052	0.026	0.016	0.015	0.004	0.001	0.001	0.000	5132				
SP	-	0.000	0.002	0.001	0.001	0.004	0.000	0.016	0.002	0.032	0.001	0.082	0.003	0.112	0.000	0.151	0.000	0.111	0.000	0.090	0.108	0.087	0.084	0.057	0.023	0.019	0.005	0.008	0.002	0.000	0.000	1108				
TO	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.000	0.016	0.002	0.062	0.000	0.127	0.000	0.141	0.000	0.143	0.000	0.116	0.098	0.096	0.083	0.047	0.025	0.022	0.007	0.004	0.000	0.000	0.000	448				

Locus: D5S2503

Pop	Alelos											N° de alelos	
	350	354	358	362	366	370	374	378	382	386	390		
AC	- 0.003	0.001	0.153	0.106	0.299	0.299	0.111	0.022	0.004	0.001	0.000	686	
AL	- 0.000	0.000	0.237	0.000	0.421	0.184	0.079	0.053	0.026	0.000	0.000	38	
AM	- 0.000	0.004	0.172	0.113	0.280	0.298	0.101	0.023	0.003	0.005	0.001	1470	
AP	- 0.000	0.056	0.222	0.111	0.222	0.222	0.056	0.111	0.000	0.000	0.000	18	
BA	- 0.004	0.004	0.089	0.115	0.334	0.314	0.103	0.027	0.005	0.003	0.003	10112	
CE	- 0.001	0.003	0.132	0.107	0.309	0.314	0.106	0.026	0.002	0.000	0.000	1504	
ES	- 0.002	0.004	0.101	0.112	0.318	0.315	0.111	0.028	0.004	0.002	0.001	5842	
GO	- 0.003	0.003	0.114	0.105	0.293	0.330	0.110	0.034	0.005	0.003	0.000	1304	
MA	- 0.002	0.002	0.125	0.103	0.310	0.311	0.112	0.030	0.003	0.002	0.000	1298	
MG	- 0.002	0.003	0.086	0.111	0.315	0.325	0.120	0.029	0.005	0.004	0.000	4476	
MS	- 0.000	0.000	0.125	0.125	0.288	0.317	0.125	0.019	0.000	0.000	0.000	104	
MT	- 0.000	0.004	0.129	0.092	0.279	0.365	0.098	0.025	0.000	0.007	0.000	706	
PA	- 0.003	0.007	0.144	0.128	0.302	0.292	0.087	0.030	0.003	0.000	0.003	298	
PB	- 0.001	0.003	0.120	0.100	0.295	0.337	0.093	0.040	0.008	0.003	0.000	742	
PE	- 0.000	0.003	0.116	0.116	0.306	0.303	0.108	0.036	0.008	0.003	0.000	1790	
PI	- 0.001	0.002	0.113	0.118	0.330	0.305	0.100	0.025	0.004	0.002	0.001	1216	
PR	- 0.001	0.005	0.111	0.107	0.303	0.312	0.128	0.028	0.003	0.001	0.001	1442	
RJ	- 0.000	0.011	0.067	0.111	0.300	0.322	0.167	0.011	0.011	0.000	0.000	90	
RN	- 0.000	0.056	0.056	0.167	0.500	0.111	0.056	0.056	0.000	0.000	0.000	18	
RO	- 0.000	0.006	0.091	0.175	0.266	0.305	0.136	0.019	0.000	0.000	0.000	154	
RR	- 0.000	0.000	0.143	0.179	0.357	0.286	0.036	0.000	0.000	0.000	0.000	28	
RS	- 0.000	0.000	0.064	0.149	0.298	0.404	0.064	0.021	0.000	0.000	0.000	94	
SC	- 0.000	0.002	0.112	0.069	0.317	0.298	0.163	0.037	0.002	0.000	0.000	436	
SE	- 0.001	0.005	0.094	0.111	0.329	0.329	0.105	0.019	0.003	0.003	0.001	5744	
SP	- 0.002	0.005	0.098	0.116	0.306	0.320	0.105	0.042	0.005	0.000	0.001	1178	
TO	- 0.002	0.004	0.082	0.120	0.303	0.347	0.109	0.027	0.002	0.004	0.000	524	

Locus: D7S820

Pop	Alelos											N° de alelos	
	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15		
AC	- 0.000	0.000	0.016	0.128	0.096	0.286	0.271	0.178	0.022	0.003	0.000	686	
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.132	0.184	0.263	0.289	0.132	0.000	0.000	0.000	38	
AM	- 0.000	0.000	0.014	0.099	0.095	0.273	0.297	0.179	0.037	0.005	0.000	1530	
AP	- 0.000	0.000	0.029	0.029	0.118	0.324	0.353	0.088	0.059	0.000	0.000	34	
BA	- 0.000	0.000	0.011	0.168	0.114	0.303	0.221	0.150	0.029	0.003	0.000	10560	
CE	- 0.000	0.000	0.016	0.149	0.109	0.270	0.251	0.158	0.042	0.005	0.000	1490	
ES	- 0.000	0.000	0.014	0.156	0.122	0.290	0.234	0.156	0.024	0.004	0.000	6110	
GO	- 0.000	0.000	0.015	0.143	0.115	0.257	0.259	0.174	0.034	0.003	0.000	1286	
MA	- 0.000	0.000	0.010	0.133	0.111	0.303	0.248	0.162	0.028	0.006	0.000	1332	
MG	- 0.000	0.000	0.015	0.162	0.122	0.286	0.225	0.163	0.024	0.002	0.000	4642	
MS	- 0.000	0.000	0.010	0.163	0.135	0.288	0.135	0.250	0.019	0.000	0.000	104	
MT	- 0.000	0.000	0.010	0.150	0.123	0.294	0.247	0.157	0.016	0.003	0.000	732	
PA	- 0.000	0.000	0.020	0.152	0.109	0.242	0.252	0.189	0.033	0.003	0.000	302	
PB	- 0.000	0.000	0.010	0.142	0.143	0.241	0.263	0.178	0.018	0.004	0.000	718	
PE	- 0.000	0.001	0.012	0.147	0.131	0.295	0.225	0.160	0.027	0.003	0.000	1828	
PI	- 0.000	0.000	0.015	0.143	0.095	0.292	0.257	0.166	0.030	0.002	0.001	1212	
PR	- 0.000	0.000	0.021	0.130	0.105	0.279	0.246	0.187	0.031	0.001	0.000	1472	
RJ	- 0.000	0.000	0.011	0.141	0.087	0.413	0.152	0.152	0.022	0.022	0.000	92	
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.188	0.125	0.312	0.188	0.062	0.125	0.000	0.000	16	
RO	- 0.000	0.000	0.019	0.136	0.117	0.344	0.188	0.162	0.032	0.000	0.000	154	
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.500	0.333	0.111	0.000	0.000	0.000	36	
RS	- 0.000	0.000	0.020	0.147	0.127	0.275	0.245	0.176	0.010	0.000	0.000	102	
SC	- 0.000	0.000	0.023	0.150	0.139	0.227	0.255	0.182	0.023	0.002	0.000	440	
SE	- 0.000	0.000	0.015	0.170	0.123	0.269	0.232	0.155	0.032	0.003	0.000	5768	
SP	- 0.000	0.000	0.018	0.154	0.121	0.256	0.258	0.172	0.021	0.002	0.000	1218	
TO	- 0.000	0.000	0.015	0.143	0.119	0.311	0.264	0.119	0.024	0.005	0.000	546	

Locus: D9S938

Pop	Alelos													N° de alelos
	388	392	396	400	404	408	412	416	420	424	428	432		
AC	- 0.000	0.017	0.260	0.216	0.214	0.149	0.126	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	462	
AL	- 0.000	0.033	0.233	0.267	0.133	0.267	0.067	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	30	
AM	- 0.002	0.017	0.370	0.164	0.188	0.138	0.110	0.011	0.001	0.001	0.000	0.000	1392	
AP	- 0.000	0.029	0.353	0.206	0.147	0.176	0.088	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	34	
BA	- 0.000	0.022	0.168	0.250	0.244	0.143	0.140	0.030	0.002	0.000	0.000	0.000	9216	
CE	- 0.000	0.025	0.231	0.182	0.242	0.155	0.145	0.017	0.003	0.000	0.000	0.000	1164	
ES	- 0.000	0.020	0.154	0.234	0.240	0.165	0.158	0.026	0.002	0.001	0.000	0.000	4844	
GO	- 0.001	0.022	0.156	0.228	0.253	0.158	0.145	0.032	0.002	0.002	0.000	0.000	972	
MA	- 0.000	0.032	0.208	0.226	0.233	0.140	0.139	0.017	0.005	0.000	0.000	0.000	1100	
MG	- 0.000	0.017	0.140	0.248	0.239	0.163	0.157	0.034	0.001	0.000	0.000	0.000	3520	
MS	- 0.000	0.000	0.117	0.217	0.250	0.133	0.267	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	60	
MT	- 0.004	0.034	0.206	0.204	0.244	0.132	0.149	0.027	0.000	0.000	0.000	0.000	524	
PA	- 0.000	0.022	0.189	0.215	0.232	0.154	0.127	0.061	0.000	0.000	0.000	0.000	228	
PB	- 0.000	0.024	0.167	0.226	0.251	0.143	0.159	0.028	0.002	0.000	0.000	0.000	574	
PE	- 0.001	0.011	0.182	0.205	0.238	0.175	0.161	0.025	0.002	0.000	0.000	0.000	1520	
PI	- 0.002	0.009	0.189	0.266	0.221	0.155	0.132	0.027	0.000	0.000	0.000	0.000	1028	
PR	- 0.001	0.021	0.183	0.204	0.236	0.157	0.172	0.026	0.001	0.000	0.000	0.000	1008	
RJ	- 0.000	0.000	0.066	0.289	0.237	0.211	0.145	0.039	0.013	0.000	0.000	0.000	76	
RN	- 0.000	0.000	0.083	0.167	0.583	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	12	
RO	- 0.000	0.034	0.144	0.161	0.288	0.186	0.178	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000	118	
RR	- 0.000	0.000	0.278	0.361	0.083	0.139	0.083	0.028	0.028	0.000	0.000	0.000	36	
RS	- 0.000	0.012	0.098	0.207	0.329	0.146	0.171	0.037	0.000	0.000	0.000	0.000	82	
SC	- 0.000	0.009	0.132	0.204	0.266	0.198	0.174	0.012	0.003	0.003	0.000	0.000	334	
SE	- 0.000	0.032	0.151	0.242	0.258	0.160	0.134	0.023	0.001	0.000	0.000	0.000	3952	
SP	- 0.001	0.014	0.165	0.244	0.225	0.161	0.159	0.029	0.001	0.000	0.000	0.000	992	
TO	- 0.000	0.013	0.212	0.230	0.240	0.135	0.142	0.026	0.002	0.000	0.000	0.000	466	

Locus: D10S1237

Pop	Alelos																				N° de alelos			
	360	364	368	370	372	376	378	380	384	388	392	396	400	404	408	412	416	420	424	428		432	436	
AC	-	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.009	0.009	0.087	0.117	0.191	0.235	0.091	0.080	0.063	0.063	0.037	0.004	0.000	0.000	460
AL	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.067	0.133	0.233	0.267	0.167	0.067	0.000	0.067	0.000	0.000	0.000	0.000	30
AM	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000	0.001	0.005	0.062	0.084	0.220	0.226	0.132	0.111	0.072	0.056	0.028	0.001	0.000	0.000	1036
AP	-	0.000	0.000	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.038	0.077	0.192	0.192	0.154	0.077	0.115	0.000	0.077	0.038	0.000	0.000	0.000	26
BA	-	0.001	0.001	0.006	0.000	0.008	0.002	0.000	0.000	0.003	0.014	0.102	0.110	0.181	0.234	0.117	0.086	0.057	0.046	0.028	0.003	0.000	0.000	6788
CE	-	0.001	0.001	0.002	0.000	0.001	0.001	0.000	0.000	0.003	0.008	0.066	0.095	0.208	0.251	0.124	0.097	0.068	0.038	0.031	0.006	0.000	0.000	1058
ES	-	0.001	0.001	0.003	0.000	0.003	0.002	0.000	0.000	0.002	0.012	0.087	0.105	0.192	0.245	0.121	0.088	0.059	0.042	0.033	0.003	0.000	0.000	4050
GO	-	0.001	0.001	0.001	0.000	0.001	0.006	0.000	0.000	0.001	0.007	0.073	0.096	0.194	0.271	0.137	0.103	0.042	0.038	0.019	0.007	0.000	0.000	834
MA	-	0.001	0.002	0.002	0.000	0.004	0.000	0.000	0.000	0.001	0.007	0.066	0.101	0.215	0.233	0.125	0.115	0.061	0.046	0.020	0.000	0.000	0.000	850
MG	-	0.001	0.001	0.006	0.000	0.005	0.001	0.000	0.000	0.003	0.012	0.084	0.103	0.180	0.250	0.130	0.094	0.058	0.037	0.032	0.002	0.000	0.000	3304
MS	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.014	0.100	0.029	0.186	0.314	0.157	0.100	0.057	0.014	0.014	0.000	0.000	0.000	70
MT	-	0.000	0.004	0.000	0.000	0.002	0.002	0.000	0.002	0.002	0.013	0.044	0.116	0.217	0.266	0.131	0.068	0.042	0.057	0.034	0.000	0.000	0.000	474
PA	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.094	0.099	0.198	0.233	0.139	0.114	0.059	0.050	0.010	0.000	0.000	0.000	202
PB	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.004	0.002	0.000	0.000	0.000	0.006	0.055	0.085	0.157	0.311	0.126	0.106	0.079	0.045	0.022	0.002	0.000	0.000	492
PE	-	0.001	0.003	0.005	0.000	0.004	0.002	0.000	0.001	0.001	0.012	0.066	0.081	0.193	0.283	0.125	0.094	0.058	0.040	0.026	0.002	0.001	0.000	1284
PI	-	0.000	0.001	0.005	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.001	0.008	0.070	0.097	0.190	0.275	0.134	0.098	0.055	0.034	0.028	0.001	0.000	0.001	746
PR	-	0.000	0.000	0.003	0.000	0.000	0.003	0.000	0.002	0.001	0.003	0.048	0.077	0.194	0.293	0.148	0.087	0.053	0.049	0.036	0.002	0.000	0.001	1032
RJ	-	0.000	0.000	0.029	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.014	0.100	0.043	0.114	0.300	0.157	0.114	0.043	0.057	0.014	0.000	0.000	0.000	70
RN	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000	0.200	0.200	0.100	0.100	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	10
RO	-	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.010	0.059	0.098	0.186	0.255	0.127	0.137	0.059	0.029	0.020	0.000	0.000	0.000	102
RR	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.031	0.062	0.031	0.094	0.156	0.344	0.219	0.031	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	32
RS	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.024	0.048	0.095	0.405	0.238	0.095	0.048	0.024	0.024	0.000	0.000	0.000	42
SC	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.006	0.000	0.000	0.000	0.006	0.036	0.078	0.208	0.286	0.164	0.092	0.039	0.044	0.036	0.000	0.000	0.000	360
SE	-	0.001	0.001	0.006	0.000	0.004	0.003	0.000	0.000	0.001	0.015	0.087	0.105	0.166	0.253	0.135	0.088	0.055	0.045	0.032	0.001	0.001	0.000	4078
SP	-	0.002	0.000	0.001	0.000	0.003	0.000	0.000	0.002	0.002	0.005	0.066	0.104	0.193	0.277	0.117	0.092	0.061	0.037	0.033	0.005	0.000	0.000	882
TO	-	0.000	0.003	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.071	0.092	0.196	0.245	0.169	0.058	0.061	0.058	0.034	0.003	0.000	0.000	326

Locus: D12S391

Pop	Alelos																				N° de alelos						
	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	15.3	16.1	16.3	17.1	17.2	17.3	18.1	18.2	18.3	19.1	19.2	19.3	
AC	- 0.000	0.053	0.038	0.071	0.207	0.197	0.152	0.083	0.087	0.041	0.026	0.014	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.010	0.000	0.000	0.013	0.000	0.000	0.006	702
AL	- 0.000	0.000	0.079	0.105	0.132	0.132	0.184	0.237	0.105	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	38
AM	- 0.001	0.022	0.021	0.071	0.202	0.208	0.208	0.091	0.080	0.052	0.012	0.006	0.003	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.008	0.000	0.001	0.010	0.001	0.000	0.002	1574
AP	- 0.000	0.029	0.029	0.000	0.147	0.265	0.176	0.176	0.088	0.029	0.059	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	34
BA	- 0.000	0.054	0.041	0.121	0.234	0.159	0.138	0.084	0.075	0.049	0.017	0.011	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.004	0.000	0.000	0.006	0.002	0.000	0.002	10624
CE	- 0.001	0.038	0.029	0.096	0.200	0.184	0.164	0.087	0.088	0.063	0.017	0.015	0.003	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.002	1534
ES	- 0.000	0.052	0.038	0.108	0.223	0.155	0.145	0.092	0.085	0.057	0.020	0.009	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000	0.002	6190
GO	- 0.000	0.048	0.039	0.108	0.212	0.161	0.146	0.085	0.094	0.059	0.016	0.006	0.001	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.005	1282
MA	- 0.000	0.047	0.038	0.099	0.198	0.176	0.179	0.071	0.080	0.060	0.021	0.010	0.002	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.004	0.000	0.000	0.004	1360
MG	- 0.000	0.061	0.039	0.107	0.209	0.159	0.133	0.099	0.077	0.057	0.021	0.011	0.001	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.007	0.001	0.000	0.005	4690
MS	- 0.000	0.058	0.048	0.125	0.154	0.144	0.144	0.135	0.087	0.038	0.019	0.010	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.010	104
MT	- 0.000	0.051	0.040	0.114	0.212	0.144	0.162	0.093	0.080	0.056	0.014	0.008	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.015	0.000	0.000	0.001	728	
PA	- 0.000	0.023	0.035	0.100	0.177	0.168	0.152	0.081	0.106	0.094	0.010	0.016	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	310
PB	- 0.000	0.037	0.041	0.125	0.181	0.199	0.117	0.080	0.090	0.071	0.014	0.012	0.003	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.007	734
PE	- 0.002	0.042	0.035	0.119	0.181	0.177	0.155	0.093	0.098	0.055	0.014	0.007	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.004	0.005	0.000	0.001	0.008	0.000	0.000	0.007	1832
PI	- 0.000	0.043	0.033	0.104	0.206	0.172	0.180	0.085	0.092	0.046	0.014	0.005	0.001	0.002	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.005	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.003	1216
PR	- 0.000	0.039	0.041	0.092	0.193	0.162	0.150	0.095	0.087	0.073	0.018	0.020	0.005	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.005	1472
RJ	- 0.000	0.080	0.034	0.045	0.193	0.136	0.136	0.125	0.080	0.080	0.045	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.000	0.000	0.011	0.000	0.000	0.000	88
RN	- 0.000	0.056	0.111	0.111	0.222	0.111	0.111	0.000	0.222	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	18
RO	- 0.000	0.051	0.038	0.095	0.203	0.158	0.158	0.095	0.076	0.038	0.038	0.025	0.006	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000	0.013	0.000	0.000	0.000	158
RR	- 0.000	0.028	0.028	0.083	0.194	0.222	0.306	0.056	0.028	0.028	0.000	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	36
RS	- 0.000	0.020	0.049	0.078	0.255	0.157	0.127	0.088	0.049	0.069	0.069	0.020	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	102
SC	- 0.005	0.045	0.027	0.095	0.221	0.142	0.128	0.119	0.077	0.056	0.032	0.014	0.005	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.005	444
SE	- 0.000	0.067	0.039	0.092	0.211	0.163	0.144	0.087	0.083	0.058	0.020	0.011	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000	0.012	0.000	0.000	0.005	5732
SP	- 0.000	0.046	0.035	0.095	0.204	0.159	0.145	0.086	0.093	0.074	0.027	0.011	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.011	0.000	0.001	0.008	0.000	0.000	0.005	1236
TO	- 0.000	0.042	0.047	0.104	0.204	0.140	0.198	0.093	0.089	0.040	0.016	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.009	0.000	0.002	0.002	550

Locus: D13S317

Pop	Alelos										N° de alelos
	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	
AC	- 0.001	0.083	0.114	0.065	0.260	0.291	0.127	0.059	0.001	0.000	678
AL	- 0.000	0.026	0.132	0.053	0.342	0.263	0.105	0.079	0.000	0.000	38
AM	- 0.003	0.075	0.158	0.060	0.227	0.266	0.136	0.076	0.000	0.000	1540
AP	- 0.000	0.147	0.206	0.029	0.294	0.235	0.059	0.029	0.000	0.000	34
BA	- 0.000	0.075	0.069	0.039	0.283	0.338	0.137	0.058	0.000	0.000	10358
CE	- 0.001	0.112	0.081	0.051	0.294	0.297	0.121	0.043	0.001	0.000	1458
ES	- 0.000	0.088	0.076	0.045	0.294	0.316	0.134	0.045	0.001	0.000	5904
GO	- 0.000	0.102	0.075	0.048	0.308	0.308	0.107	0.053	0.000	0.000	1294
MA	- 0.001	0.080	0.113	0.052	0.281	0.287	0.133	0.051	0.003	0.000	1318
MG	- 0.000	0.088	0.072	0.041	0.318	0.307	0.130	0.044	0.001	0.000	4512
MS	- 0.000	0.163	0.087	0.096	0.288	0.192	0.115	0.058	0.000	0.000	104
MT	- 0.000	0.102	0.090	0.069	0.290	0.277	0.134	0.038	0.000	0.000	708
PA	- 0.000	0.116	0.099	0.071	0.289	0.235	0.150	0.037	0.003	0.000	294
PB	- 0.000	0.125	0.083	0.046	0.290	0.308	0.094	0.051	0.001	0.000	710
PE	- 0.000	0.109	0.080	0.050	0.293	0.302	0.117	0.048	0.001	0.000	1784
PI	- 0.000	0.086	0.088	0.053	0.301	0.301	0.116	0.054	0.002	0.000	1224
PR	- 0.000	0.129	0.100	0.047	0.299	0.266	0.121	0.037	0.002	0.000	1426
RJ	- 0.000	0.138	0.050	0.050	0.325	0.350	0.050	0.025	0.013	0.000	80
RN	- 0.000	0.188	0.062	0.000	0.188	0.375	0.125	0.062	0.000	0.000	16
RO	- 0.000	0.067	0.040	0.060	0.293	0.340	0.160	0.040	0.000	0.000	150
RR	- 0.000	0.167	0.083	0.083	0.250	0.333	0.083	0.000	0.000	0.000	36
RS	- 0.000	0.153	0.122	0.051	0.265	0.276	0.061	0.061	0.010	0.000	98
SC	- 0.000	0.109	0.074	0.058	0.308	0.315	0.095	0.039	0.002	0.000	432
SE	- 0.000	0.092	0.068	0.038	0.296	0.321	0.129	0.055	0.001	0.000	5752
SP	- 0.000	0.110	0.081	0.047	0.293	0.289	0.143	0.035	0.001	0.000	1168
TO	- 0.000	0.098	0.064	0.038	0.316	0.306	0.126	0.053	0.000	0.000	532

Locus: D16S753

Pop	Alelos																	N° de alelos
	232	236	240	244	248	252	256	260	264	268	272	276	280	284	288	292		
AC	- 0.000	0.000	0.002	0.009	0.016	0.035	0.163	0.244	0.256	0.176	0.078	0.017	0.005	0.000	0.000	0.000	578	
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.038	0.000	0.154	0.154	0.385	0.115	0.038	0.115	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	26	
AM	- 0.000	0.000	0.001	0.003	0.014	0.045	0.145	0.299	0.236	0.181	0.059	0.014	0.002	0.000	0.000	0.000	1366	
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.286	0.286	0.286	0.143	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	14	
BA	- 0.000	0.000	0.002	0.016	0.017	0.056	0.177	0.246	0.189	0.175	0.078	0.031	0.012	0.001	0.000	0.000	9302	
CE	- 0.000	0.000	0.002	0.012	0.019	0.036	0.177	0.245	0.237	0.206	0.045	0.015	0.005	0.000	0.000	0.000	1218	
ES	- 0.000	0.000	0.002	0.018	0.018	0.051	0.192	0.241	0.199	0.184	0.066	0.021	0.007	0.002	0.000	0.000	4652	
GO	- 0.000	0.000	0.000	0.008	0.014	0.053	0.166	0.259	0.227	0.186	0.059	0.020	0.007	0.000	0.000	0.000	994	
MA	- 0.000	0.000	0.003	0.011	0.015	0.056	0.169	0.287	0.202	0.181	0.055	0.013	0.006	0.001	0.000	0.000	1082	
MG	- 0.001	0.000	0.001	0.011	0.019	0.053	0.187	0.243	0.215	0.178	0.063	0.019	0.008	0.001	0.000	0.000	3828	
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.021	0.043	0.096	0.149	0.309	0.170	0.170	0.021	0.021	0.000	0.000	0.000	0.000	94	
MT	- 0.000	0.000	0.006	0.013	0.020	0.077	0.167	0.241	0.216	0.188	0.052	0.017	0.005	0.000	0.000	0.000	640	
PA	- 0.000	0.000	0.000	0.004	0.019	0.035	0.146	0.265	0.208	0.250	0.065	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000	260	
PB	- 0.000	0.000	0.008	0.010	0.022	0.046	0.157	0.258	0.215	0.209	0.056	0.012	0.003	0.003	0.000	0.000	592	
PE	- 0.000	0.000	0.003	0.012	0.017	0.059	0.159	0.273	0.212	0.162	0.066	0.028	0.006	0.003	0.000	0.000	1502	
PI	- 0.000	0.000	0.003	0.011	0.011	0.053	0.190	0.217	0.237	0.177	0.069	0.021	0.007	0.003	0.000	0.000	700	
PR	- 0.000	0.000	0.001	0.004	0.029	0.049	0.188	0.251	0.225	0.188	0.054	0.007	0.004	0.000	0.000	0.000	1376	
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.050	0.017	0.017	0.150	0.283	0.300	0.100	0.067	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	60	
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.071	0.000	0.214	0.214	0.286	0.143	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	14	
RO	- 0.000	0.000	0.000	0.008	0.023	0.054	0.169	0.323	0.200	0.154	0.038	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000	130	
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.083	0.250	0.167	0.167	0.083	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	12	
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.209	0.279	0.221	0.198	0.035	0.023	0.012	0.000	0.000	0.000	86	
SC	- 0.000	0.000	0.000	0.009	0.022	0.043	0.198	0.238	0.207	0.198	0.077	0.003	0.003	0.000	0.000	0.003	324	
SE	- 0.000	0.000	0.003	0.016	0.019	0.062	0.159	0.242	0.202	0.181	0.076	0.028	0.011	0.000	0.000	0.000	4584	
SP	- 0.000	0.001	0.000	0.010	0.023	0.054	0.196	0.251	0.199	0.190	0.060	0.011	0.006	0.000	0.000	0.000	1088	
TO	- 0.000	0.000	0.004	0.011	0.016	0.040	0.173	0.280	0.202	0.168	0.065	0.036	0.004	0.000	0.000	0.000	446	

Locus: D21S1437

Pop	Alelos														N° de alelos
	105	109	113	117	121	125	129	133	137	141	144	145	149		
AC	- 0.000	0.007	0.027	0.134	0.084	0.104	0.333	0.155	0.119	0.034	0.000	0.001	0.000	670	
AL	- 0.000	0.000	0.026	0.158	0.184	0.053	0.237	0.211	0.132	0.000	0.000	0.000	0.000	38	
AM	- 0.000	0.006	0.027	0.125	0.083	0.094	0.294	0.180	0.145	0.041	0.000	0.005	0.000	1430	
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.167	0.067	0.167	0.267	0.067	0.167	0.100	0.000	0.000	0.000	30	
BA	- 0.001	0.022	0.050	0.186	0.096	0.085	0.320	0.119	0.098	0.020	0.000	0.002	0.000	10106	
CE	- 0.001	0.009	0.031	0.139	0.083	0.097	0.327	0.162	0.121	0.031	0.000	0.001	0.000	1442	
ES	- 0.001	0.016	0.042	0.169	0.088	0.101	0.336	0.124	0.095	0.025	0.000	0.004	0.000	5598	
GO	- 0.001	0.015	0.024	0.132	0.073	0.098	0.358	0.149	0.127	0.021	0.000	0.002	0.000	1250	
MA	- 0.000	0.017	0.043	0.163	0.093	0.105	0.328	0.123	0.097	0.026	0.000	0.005	0.000	1284	
MG	- 0.001	0.017	0.037	0.163	0.085	0.092	0.342	0.139	0.098	0.023	0.000	0.002	0.000	4352	
MS	- 0.000	0.000	0.012	0.151	0.058	0.058	0.419	0.093	0.128	0.081	0.000	0.000	0.000	86	
MT	- 0.000	0.023	0.027	0.118	0.086	0.082	0.349	0.159	0.124	0.026	0.000	0.006	0.000	694	
PA	- 0.007	0.020	0.023	0.161	0.086	0.076	0.326	0.128	0.138	0.033	0.000	0.003	0.000	304	
PB	- 0.000	0.005	0.023	0.155	0.056	0.069	0.353	0.157	0.154	0.023	0.000	0.004	0.000	734	
PE	- 0.001	0.021	0.047	0.164	0.090	0.081	0.311	0.134	0.116	0.034	0.000	0.002	0.000	1760	
PI	- 0.000	0.016	0.040	0.154	0.092	0.096	0.298	0.157	0.117	0.024	0.000	0.004	0.000	1166	
PR	- 0.001	0.011	0.025	0.131	0.063	0.087	0.375	0.146	0.136	0.024	0.001	0.001	0.000	1388	
RJ	- 0.000	0.011	0.011	0.102	0.091	0.057	0.341	0.193	0.125	0.045	0.000	0.011	0.011	88	
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.111	0.056	0.056	0.389	0.333	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	18	
RO	- 0.000	0.034	0.020	0.142	0.115	0.088	0.291	0.135	0.142	0.034	0.000	0.000	0.000	148	
RR	- 0.000	0.000	0.031	0.188	0.125	0.094	0.344	0.062	0.125	0.000	0.000	0.031	0.000	32	
RS	- 0.000	0.011	0.022	0.152	0.033	0.065	0.359	0.141	0.174	0.033	0.000	0.011	0.000	92	
SC	- 0.000	0.002	0.025	0.134	0.058	0.074	0.363	0.162	0.150	0.023	0.002	0.005	0.000	432	
SE	- 0.001	0.015	0.047	0.170	0.089	0.098	0.302	0.136	0.118	0.021	0.000	0.003	0.000	5484	
SP	- 0.000	0.009	0.023	0.165	0.068	0.088	0.350	0.138	0.122	0.031	0.001	0.006	0.000	1150	
TO	- 0.000	0.021	0.033	0.169	0.090	0.077	0.326	0.144	0.111	0.027	0.000	0.004	0.000	522	

Locus: D22S534

Pop	Alelos														N° de alelos
	461	465	469	473	477	481	485	489	493	497	501	505	509		
AC	- 0.000	0.000	0.003	0.003	0.000	0.037	0.312	0.426	0.129	0.082	0.008	0.000	0.000	622	
AL	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.079	0.395	0.316	0.158	0.053	0.000	0.000	0.000	38	
AM	- 0.000	0.000	0.003	0.001	0.004	0.040	0.377	0.399	0.111	0.053	0.012	0.001	0.000	1442	
AP	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.088	0.412	0.412	0.029	0.029	0.000	0.029	0.000	34	
BA	- 0.000	0.000	0.002	0.002	0.001	0.061	0.309	0.365	0.194	0.061	0.004	0.000	0.000	9708	
CE	- 0.000	0.002	0.000	0.003	0.000	0.069	0.354	0.394	0.108	0.059	0.011	0.000	0.000	1392	
ES	- 0.000	0.000	0.001	0.002	0.002	0.056	0.302	0.388	0.171	0.071	0.006	0.000	0.000	5548	
GO	- 0.001	0.000	0.002	0.002	0.000	0.071	0.314	0.367	0.169	0.067	0.005	0.002	0.000	1208	
MA	- 0.000	0.000	0.000	0.001	0.002	0.048	0.321	0.425	0.139	0.056	0.007	0.000	0.000	1266	
MG	- 0.000	0.001	0.002	0.002	0.002	0.059	0.305	0.399	0.161	0.064	0.005	0.000	0.000	4322	
MS	- 0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.070	0.360	0.340	0.130	0.060	0.030	0.000	0.000	100	
MT	- 0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.052	0.327	0.413	0.136	0.065	0.004	0.000	0.000	678	
PA	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.029	0.353	0.342	0.195	0.062	0.018	0.000	0.000	272	
PB	- 0.000	0.001	0.003	0.001	0.000	0.064	0.318	0.430	0.120	0.061	0.000	0.001	0.000	702	
PE	- 0.000	0.001	0.003	0.004	0.001	0.060	0.311	0.391	0.162	0.063	0.004	0.001	0.000	1658	
PI	- 0.000	0.000	0.000	0.002	0.000	0.057	0.319	0.409	0.139	0.068	0.007	0.000	0.000	1124	
PR	- 0.000	0.000	0.001	0.003	0.001	0.059	0.305	0.429	0.123	0.076	0.004	0.000	0.000	1326	
RJ	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075	0.287	0.487	0.075	0.050	0.025	0.000	0.000	80	
RN	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.143	0.357	0.429	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	14	
RO	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.099	0.268	0.408	0.141	0.070	0.014	0.000	0.000	142	
RR	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.062	0.375	0.344	0.094	0.125	0.000	0.000	0.000	32	
RS	- 0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.140	0.244	0.453	0.116	0.035	0.012	0.000	0.000	86	
SC	- 0.000	0.000	0.002	0.002	0.007	0.071	0.305	0.395	0.124	0.090	0.002	0.000	0.000	410	
SE	- 0.000	0.000	0.002	0.002	0.001	0.066	0.324	0.361	0.182	0.058	0.004	0.000	0.000	5372	
SP	- 0.000	0.000	0.000	0.004	0.003	0.067	0.319	0.406	0.134	0.063	0.005	0.000	0.001	1102	
TO	- 0.000	0.000	0.006	0.002	0.000	0.047	0.288	0.386	0.190	0.071	0.008	0.002	0.000	510	

Locus: TH01

Pop	Alelos										N° de alelos
	4	5	6	7	8	9	10	11	9.3		
AC	- 0.000	0.001	0.238	0.276	0.113	0.146	0.003	0.000	0.222	684	
AL	- 0.000	0.000	0.206	0.235	0.206	0.206	0.000	0.000	0.147	34	
AM	- 0.000	0.001	0.283	0.279	0.109	0.120	0.004	0.000	0.205	1518	
AP	- 0.000	0.000	0.167	0.333	0.233	0.133	0.000	0.000	0.133	30	
BA	- 0.000	0.003	0.191	0.287	0.182	0.156	0.004	0.000	0.177	10236	
CE	- 0.001	0.001	0.235	0.253	0.141	0.151	0.004	0.000	0.214	1446	
ES	- 0.000	0.002	0.207	0.263	0.168	0.160	0.004	0.000	0.197	6070	
GO	- 0.000	0.003	0.213	0.235	0.138	0.183	0.007	0.000	0.220	1252	
MA	- 0.000	0.001	0.219	0.264	0.133	0.164	0.007	0.000	0.213	1296	
MG	- 0.000	0.002	0.192	0.255	0.168	0.169	0.006	0.000	0.209	4478	
MS	- 0.000	0.000	0.198	0.208	0.156	0.167	0.000	0.000	0.271	96	
MT	- 0.000	0.001	0.229	0.252	0.146	0.152	0.010	0.000	0.209	690	
PA	- 0.000	0.000	0.204	0.248	0.157	0.135	0.007	0.000	0.248	274	
PB	- 0.001	0.004	0.181	0.249	0.159	0.157	0.003	0.000	0.246	696	
PE	- 0.000	0.001	0.203	0.253	0.152	0.170	0.003	0.000	0.218	1782	
PI	- 0.000	0.002	0.235	0.269	0.137	0.142	0.006	0.000	0.210	1228	
PR	- 0.000	0.001	0.235	0.205	0.127	0.157	0.007	0.000	0.267	1436	
RJ	- 0.000	0.000	0.155	0.167	0.190	0.226	0.000	0.000	0.262	84	
RN	- 0.000	0.000	0.143	0.357	0.143	0.143	0.000	0.000	0.214	14	
RO	- 0.000	0.000	0.195	0.247	0.143	0.188	0.000	0.000	0.227	154	
RR	- 0.000	0.000	0.139	0.361	0.250	0.028	0.000	0.000	0.222	36	
RS	- 0.000	0.000	0.186	0.235	0.147	0.118	0.010	0.000	0.304	102	
SC	- 0.000	0.000	0.213	0.196	0.112	0.175	0.002	0.000	0.301	428	
SE	- 0.001	0.001	0.179	0.255	0.183	0.174	0.005	0.001	0.203	5702	
SP	- 0.000	0.000	0.215	0.242	0.157	0.159	0.007	0.001	0.219	1192	
TO	- 0.000	0.000	0.223	0.264	0.157	0.153	0.000	0.000	0.203	516	

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](#)