



XII CAIC – Congresso Anual de Iniciação Científica
XV ECIF – Encontro Científico da FAMERP
VII COLIG – Mostra das Ligas Acadêmicas
Dias 06 e 07 de outubro de 2015



CARACTERIZAÇÃO DE X-STRS NO ESTADO DE MATO GROSSO: PRIMEIRO ESTUDO POPULACIONAL COM MARCADORES GENÉTICOS FORENSES

Joyce Aparecida Martins Lopes Ferraz¹, Denise Poltronieri Martins², Juliana Martinez³, Regina Maria Barretto Cicarelli⁴, Dorotéia Rossi da Silva Souza⁵.

¹FAMERP, ²FAMERP, ³UNESP, ⁴UNESP, ⁵FAMERP.

Introdução: Em casos complexos de investigação de parentesco, marcadores genéticos *Short Tandem Repeats* do cromossomo X (X-STR) complementam a análise padrão dos STRs autossômicos. No entanto, estudos mostram variações genéticas interpopulacionais, necessitando-se da caracterização destes marcadores em populações geográfica e/ou etnicamente distintas. **Objetivo:** Analisar o sistema X-STR decaplex (DXS8378, DXS9902, DXS7132, DXS9898, DXS6809, DXS6789, DXS7133, GATA172D05, GATA31E08 e DXS7423) na população do Estado de Mato Grosso (Brasil), e comparar a outras populações, com base na literatura. **Casuística e Métodos:** Participaram 274 indivíduos não aparentados e residentes no referido estado; a extração do DNA foi realizada com Chelex 100, seguida por amplificação com o sistema X-STR e eletroforese capilar em analisador genético 3500. A análise estatística foi realizada com o programa Arlequin e o banco de dados ChrX-STR.org 2.0. **Resultados:** Notou-se ausência de desequilíbrio de ligação entre os X-STRs, sendo o marcador DXS6809 o mais informativo e, DXS7133 e DXS8378, os menos eficientes. O poder de discriminação feminino e masculino foi de 0,99999999995 e 0,99999994, respectivamente. Análise de distância genética entre o referido Estado e outras populações mostrou distâncias significantes ($P \leq 0,00024$) para populações ibéricas (Portugal e Espanha), latino americanas (Buenos Aires, Córdoba, Costa Rica e Antioquia) e africana (Karamoja), estando a população do Estado de Mato Grosso geneticamente mais próxima das populações argentinas e ibéricas, bem distante de Karamoja. Análise de variação molecular indicou 1,23% ($P=0,01232$) de heterogeneidade entre os grupos europeu, latino americano e africano e diferenciação genética de 0,30% ($P=0,00000$) entre a população do Estado de Mato Grosso e das regiões centro-oeste, sudeste e sul do Brasil. **Conclusão:** O sistema X-STR mostrou-se de extrema utilidade forense na população do Estado de Mato Grosso e os dados relacionados à estrutura genética populacional evidenciam a necessidade de uma específica base de dados brasileira para tais marcadores.

Descritores: Sequências Repetidas em Tandem; Cromossomo X; Estado Mato Grosso; Genética Forense.

Apoio Financeiro: FAPERP.