



**UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E DA NATUREZA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA CELULAR E MOLECULAR**



SARAH GURGEL DE CASTRO

**ESTUDO DE FREQUÊNCIAS ALÉLICAS DE 15 STRs AUTOSSÔMICOS NA
POPULAÇÃO PARAIBANA**

**João Pessoa – PB
2013**

SARAH GURGEL DE CASTRO

**ESTUDO DE FREQUÊNCIAS ALÉLICAS DE 15 STRs AUTOSSÔMICOS NA
POPULAÇÃO PARAIBANA**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular do Centro de Ciências Exatas e da Natureza, da Universidade Federal da Paraíba, como parte dos requisitos para obtenção do título de **MESTRE EM BIOLOGIA CELULAR E MOLECULAR**.

Orientador: Prof. Dr. José Pinto de Siqueira Júnior

**João Pessoa - PB
2013**

SARAH GURGEL DE CASTRO

Dissertação de Mestrado avaliada em ___/ ___/ ____

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. José Pinto de Siqueira Júnior
Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular - UFPB
Orientador

Prof.^a Dr.^a Hilzeth de Lima Freire Pessoa
Departamento de Biologia Molecular - UFPB
Examinadora Externa

Prof.^a Dr.^a Naila Francis Paulo de Oliveira
Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular - UFPB
Examinadora Interna

Prof. Dr. Plínio Dela Torre
Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular - UFPB
Suplente

A minha família tão maravilhosa que soube entender minha ausência neste período.

AGRADECIMENTOS

Ao meu Deus que nunca me desamparou e me conduz derramando suas bênçãos em meus caminhos.

Ao meu orientador Prof. Dr. José Pinto de Siqueira Júnior, que me acolheu, me deu um aceite e me incentivou a não desistir. Obrigada por me incentivar a realizar esse trabalho. Serei eternamente grata.

As minhas tão especiais “chefes” Lêda e Maria do Carmo por sempre estarem presentes e contornarem sutilmente as adversidades.

Aos meus colegas do laboratório de DNA do IPC, por serem grandes colaboradores deste trabalho.

A minha querida cientista Silvana Magna Cavalcante Araújo, amante das Ciências por me dar a mão e me estimular com sua calma e seu conhecimento. Sem você não teria seguido em frente.

Aos profissionais do Hemocentro da Paraíba especialmente a Dr.^a Crisemir e Dr.^a Jussara.

Ao Prof. Dr. Rodrigo Moura Neto por me transmitir com dedicação seus conhecimentos.

Aos docentes do Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, por compartilhar seus conhecimentos.

A secretária do Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, Ludmilla Maul, pela eficiência e disposição em ajudar os mestrandos SEMPRE.

Aos colegas mestrandos do Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular que me proporcionaram uma convivência tão agradável.

Aos doadores voluntários de material biológico para a execução dessa pesquisa.

Aos que acreditaram na minha capacidade e me estenderam a mão ajudando-me a superar os desafios.

“Conheça todas as teorias, domine todas as técnicas, mas ao tocar uma alma humana, seja apenas outra alma humana.”

(Carl Jung)

RESUMO

A identificação humana está baseada na análise do DNA através de marcadores moleculares presente em todo o genoma. Estes marcadores são transmitidos de pais para filhos por hereditariedade. Atualmente os marcadores STR são os marcadores genéticos mais utilizados em Genética Forense devido ao seu elevado polimorfismo, alta reprodutibilidade, possibilidade de serem amplificados por PCR em inúmeras cópias numa só reação e em mínimas quantidades de DNA (1ng). O exame de DNA que permite a individualização das pessoas é ferramenta indispensável à solução de casos forenses de identificação humana, crimes sexuais, locais de crime (incluindo ou excluindo suspeitos), desastres em massa, e tem seu resultado apresentado em cálculos estatísticos que consideram a frequência alélica dos marcadores usados. Por isso é importante o conhecimento das frequências alélicas apresentadas na população regional de forma que os resultados sejam os mais fidedignos possíveis. Neste trabalho, 15 marcadores autossômicos (*loci*) STR ou microssatélites (CSF1PO, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, TH01, TPOX e vWA) foram estudados em 766 indivíduos paraibanos não aparentados, demonstrando uma população tri - híbrida, formada de africanos (25,86%), ameríndios (6,81%) e europeus (67,33%). Os mais informativos foram D21S11 e FGA, e os menos informativos foram TPOX, D7S820 e D13S317. Os resultados são importantes para que um banco de dados com as frequências alélicas encontradas na população paraibana possa servir de base de cálculo útil para prática forense no Estado da Paraíba.

Palavras-chave: DNA. STR. Frequência Alélica.

ABSTRACT

Human identification is based on analyzing DNA through present throughout the genome molecular markers. These markers are transmitted from parents to offspring by heredity. STR markers are currently the most commonly used genetic markers in Forensic Genetics due to their high polymorphism, high reproducibility, possibility of being amplified by PCR in multiple copies in a single reaction, and minute quantities of DNA (1ng). The DNA test that allows individualization of the people is essential tool to the solution of forensic human identification cases, sex crimes, crime scenes (including or excluding suspects), mass disasters, and its result is presented in statistical calculations that consider allele frequency of markers used. So it is important to know the allele frequencies presented in the regional population so that the results are the most reliable possible. In this study , 15 autossomal markers (*loci*) STR or microsatellite (CSF1PO, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, TH01, and VWA TPOX) were studied in 766 unrelated individuals paraibanos, demonstrating a tri population - hybrid formed Africans (25.86 %), Amerindian (6.81 %) and Europeans (67.33 %). The most informative were D21S11 and FGA, and were less informative TPOX, D7S820 and D13S317. The results are important for a database with allele frequencies found in Paraiba population can serve as a useful basis for calculating forensic practice in the State of Paraíba.

Keywords: DNA. STR. Allele frequency.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Escada alélica do <i>kit</i> AmpFISTR® Identifiler™ de calibração de STR (<i>Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA</i>).....	21
Figura 2 - Os treze marcadores do CODIS e sua localização nos cromossomos.....	22
Figura 3 - Perfil genético com os marcadores STRs do <i>kit Identifiler™</i>	24
Figura 4 - Mapa do Brasil mostrando a região Nordeste e o Estado da Paraíba.	29
Figura 5 - Escada alélica do <i>kit Identifiler® Plus (Applied Biosystems)</i>	34

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Número de alelos obtidos, variação e alelos mais freqüentes.....	37
Tabela 2 -	Frequência de alelos dos marcadores D8S1179, D7S820, CSF1PO, TH01 e D13S317.....	38
Tabela 3 -	Frequência de alelos dos marcadores D16S539, D19S433, TPOX, D18S51 e D5S818.....	39
Tabela 4 -	Frequência de alelos dos marcadores D21S11, D3S1358, D2S1338, vWA e FGA.....	40
Tabela 5 -	Parâmetros forenses analisados para cada marcador.....	42
Tabela 6 -	Resultados obtidos para o cálculo de equilíbrio de Hardy-Weinberg na população da Paraíba.....	44
Tabela 7 -	Proporção de mistura de Populações Parentais.....	44

LISTA DE GRÁFICOS

Gráfico 1 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador TPOX.....	45
Gráfico 2 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador D16S539.....	46
Gráfico 3 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador D3S1358.....	47
Gráfico 4 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador FGA.....	49
Gráfico 5 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador D19S433.....	50
Gráfico 6 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador D21S11.....	51
Gráfico 7 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador D8S1179.....	52
Gráfico 8 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador vWA.....	53
Gráfico 9 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador D2S1338.....	54
Gráfico 10 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador D18S51.....	55
Gráfico 11 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador TH01.....	56
Gráfico 12 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador CSF1PO.....	57
Gráfico 13 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador D7S820.....	58
Gráfico 14 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador D13S317.....	60
Gráfico 15 -	Distribuição das frequências alélicas do marcador D5S818.....	61

LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS

μl -	Microlitro
BBVA -	Banco Bilbao Vizcaya Argentaria
BNPG -	Banco Nacional de Perfis Genéticos
CCS -	Centro de Ciências da Saúde
CEP -	Comitê de Ética em Pesquisa
CNS -	Conselho Nacional de Saúde
CODIS -	<i>Combined DNA Index System</i>
DNA -	<i>Desoxiribonucleic Acid</i> (Ácido desoxirribonucléico)
FAPEAL -	Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Alagoas
FAPERJ -	Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro
FBI -	<i>Federal Bureau of Investigation</i>
GITAD -	Grupo Ibero-Americano de Trabalho em Análises do DNA
He -	Heterozigosidade esperada
Het -	Heterozigotos
Ho -	Heterozigosidade observada
Hom -	Homozigotos
IBGE -	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
IPC-PB -	Instituto de Polícia Científica da Paraíba
ISFG -	<i>Internacional Society of Forensic Genetics</i>
Mb Megabase -	Equivalente a 1 milhão de nucleotídeos
MP-	Probabilidade Cumulativa de Coincidência
pb -	Pares de bases
PCR -	<i>Polymerase Chain Reaction</i> (Reação em Cadeia da Polimerase)
PD -	Poder de Discriminação
PE -	Poder de Execução
PIC -	Conteúdo de Informação Polimórfica
RFLP -	<i>Restriction Fragment Length Polymor Phisms</i>
RIBPG -	Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos
SENASP -	Secretaria Nacional de Segurança Pública
SNP -	<i>Single Nucleotide Polymorphism</i> (Polimorfismo de nucleotídeo único)

STRs -	<i>Short Tandem Repeats</i> (Repetições curtas em tandem)
Taq -	<i>Thermophilus Aquaticus</i>
TPI -	Índice Típico de Paternidade Cumulativo
UFAL -	Universidade Federal de Alagoas
UFPB -	Universidade Federal da Paraíba
UFRJ -	Universidade Federal do Rio de Janeiro
UNT/HIC -	Centro de Identificação Humana da Universidade do Norte do Texas
VNTRs -	<i>Variable Number of Tandem Repeats</i> (Repetições de Número Variável Consecutivas)

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	14
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	16
2.1 Histórico.....	16
2.2 Marcadores STRs ou microssatélites.....	18
2.3 Genética forense.....	22
2.4 Banco de dados.....	25
2.5 População paraibana.....	28
3 OBJETIVOS.....	30
3.1 Geral.....	30
3.2 Específicos.....	30
4 MATERIAL E MÉTODOS.....	31
4.1 Materiais.....	31
4.1.1 Equipamentos.....	31
4.1.2 Reagentes.....	31
4.2 Metodologia experimental.....	31
4.2.1 Ética em pesquisa.....	31
4.2.2 Seleção das amostras.....	32
4.2.3 Extração do DNA.....	32
4.2.4 Ampliação do DNA extraído.....	33
4.2.5 Genotipagem do DNA extraído.....	33
4.2.6 Análises estatísticas dos resultados.....	34
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	36
6 CONCLUSÃO.....	62
REFERÊNCIAS.....	64
ANEXOS.....	71

1 INTRODUÇÃO

A identificação genética dos indivíduos tem relevante papel nas ciências sociais, médicas e forense, e está baseada no polimorfismo representado pelas diferenças na sequência genética de uma pessoa para outra (RODENBUSCH, 2008).

Com o desenvolvimento em 1985 por Jeffreys e colaboradores da técnica “DNA *fingerprinting*”, técnica de Biologia Molecular que utilizava sondas multiloci iniciou-se uma grande revolução na identificação humana (AZEVEDO, 2006; PAULA, 2012).

Cronologicamente, o advento da técnica de PCR, a criação de *kits* multiplex de marcadores moleculares e automação da análise do DNA levaram o uso de perfis genéticos na Ciência Forense a solucionar casos de identificação humana, de crimes de estupro, homicídios, desastres em massas e paternidades. Isto se deve ao alto poder de discriminação do DNA, o qual permite obter a identificação de um indivíduo e/ou determinar o vínculo biológico entre indivíduos com a menor probabilidade de erro (FRANÇA, 2001).

O perfil genético de um indivíduo, utilizado para identificação humana, é constituído por diversos marcadores que são herdados dos seus progenitores. Estes marcadores moleculares polimórficos são distribuídos por todo o genoma e permitem a análise da variabilidade genética dentro das populações e também das relações genéticas entre elas (MENEZES, 2005; DOLINSKY; FIGUEIREDO, 2009, GIUSTINA, 2009).

O exame de DNA nos laboratórios forenses consiste atualmente em analisar pelo menos 13 marcadores moleculares autossômicos do tipo microssatélites ou *Short Tandem Repeats* (STR) amplificados por *Polymerase Chain Reaction* (PCR) e analisados em sequenciadores genéticos de eletroforese capilar. Isto é possível porque o DNA encontrado em muitos materiais biológicos (sangue, ossos, saliva, sêmen, suor e outros) é facilmente coletados em locais de crimes, restos mortais ou outras situações de interesse forense (BUTTLER, 2005; GIUSTINA, 2009).

É crescente o interesse mundial em solucionar crimes e de uma forma geral lutar por um bem maior que é a VIDA HUMANA, protegida universalmente, proteção

inclusive presente nas mais remotas constituições. Com esta conscientização surgiu a necessidade de regulamentar a criação e manutenção de bancos de dados criminais.

O Brasil deu um passo à frente com a publicação da Lei n.º 12.654/12 e o Decreto n.º 7950/13 que efetivou a criação do Banco Nacional de Perfis Genéticos e da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG) (JACQUES, 2013).

Para a criação dos bancos de dados é imprescindível o levantamento de perfis genéticos de forma padronizada com o estudo das frequências alélicas das populações regionais para o resultado do exame de DNA, que é representado por um cálculo estatístico, garantindo melhor confiabilidade ao exame, na medida em que é sabido que publicações de dados populacionais têm demonstrado que as distribuições alélicas de marcadores STR podem ser diferentes intra e interpopulacionalmente (DENG *et al.*, 2011).

Estudar as populações regionais no nosso país de dimensões continentais onde grandes fluxos migratórios ocorreram e levaram a miscigenação da população de forma heterogênea possibilitará a criação de bancos regionais dando maior robustez aos laudos de Genética Forense.

Diante disso, o presente trabalho tem como objetivo estudar a frequência alélica de 15 marcadores autossômicos STRs (CSF1PO, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, TH01, TPOX e vWA) e amelogenina para o gênero sexual, que são os *loci* comumente usados em exames forenses, na população paraibana e contribuir para o uso dos parâmetros estatísticos auxiliares à Ciência Forense (POIARES *et al.*, 2009).

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Histórico

O estudo da Genética de populações vem sendo usado em muitas áreas das Ciências, inicialmente era baseado em marcadores protéicos (como os componentes grupo-específicos transferrina, albumina, ceruloplasmina, haptoglobina, fosfoglicomutase-1, fosfatase ácida, esterase D) e sorológicos com pouca variabilidade genética. Na medida em que as técnicas de Biologia Molecular foram aprimoradas eles foram substituídos pelos marcadores moleculares de DNA (LEITE, 2005; MARTINS, 2008).

Estes marcadores moleculares de uso em identificações humanas e estudos populacionais evoluíram desde os *Restriction Fragment Length Polymorphisms* (RFLP), passando por *Variable Number of Tandem Repeats* (VNTR) até *Short Tandem Repeat* (STRs), atualmente em aprimoramento os *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) (JEFFREYS, 1985b; LEITE, 2005; MORETTI, 2009).

Em 1985 Jeffreys e colaboradores iniciaram o uso de análise de DNA para auxiliar as Ciências Forenses, baseado no “DNA *fingerprinting*”, técnica de Biologia Molecular que utilizava sondas multiloci de VNTR (JEFFREYS et al., 1985b; AZEVEDO, 2006; MARTINS, 2008; PAULA, 2012).

Após analisar um curto trecho de DNA repetitivo, praticamente idêntico com cerca de 15 nucleotídeos, foi observada a variação entre uma amostra e outra, o que permitiu distinguir um indivíduo do outro. E escreveu: “o perfil nos fornece um *fingerprint* específico de cada indivíduo” (JEFFREYS, 2005, p.126, JOBIM et al., 2005).

No mesmo ano, a técnica foi usada pela primeira vez para auxiliar a resolução de um caso de emigração de uma família onde a nacionalidade de um dos filhos fora questionada pelas autoridades inglesas, a partir da técnica desenvolvida pelo geneticista Alec Jeffreys, e assim, foi possível comprovar o parentesco do jovem com seus pais e irmãs. No ano seguinte (1986), foi possível a elucidação do primeiro caso criminal (um duplo homicídio) também na Inglaterra. Este caso ficou conhecido como *Enderby*, o nome da vila onde os crimes foram cometidos. Vários homens entre 13 e 30

anos foram tipados para que o verdadeiro estuprador e assassino de 2 mulheres fosse identificado, sendo o marco inicial do uso da análise do DNA para a prática forense (TANDE, 1989 apud PAULA, 2012).

Na mesma década, com o advento da PCR, técnica que permite a amplificação de milhares de cópias de DNA a partir de pequenas quantidades de material provenientes de amostras biológicas, mesmo degradadas, corroborou ainda mais para o uso de perfis genéticos na esfera forense, seja em casos de violência sexual ou identificação humana (WATSON, 2005; MULLIS *et al.* apud AZEVEDO, 2006; MAGALHÃES; SILVA, 2006; MARTINS, 2008).

Ao longo das duas últimas décadas, a ciência forense passou a contribuir como instrumento convincente para a aplicação da lei nos processos judiciais, e isso muito se deve ao aprimoramento da análise em DNA. Atualmente, evidências baseadas na análise do DNA são a chave do convencimento para a condenação ou absolvição de suspeitos de vários crimes (roubo, estupro e assassinatos) (FRUMKIN *et al.*, 2010).

Em 2003, a Secretaria Nacional de Segurança Pública (SENASP) iniciou o Projeto de Implantação de Laboratórios Regionais de DNA Forense no Brasil, com a finalidade de capacitar a perícia brasileira para a realização de investigação e elucidação de crimes com um padrão de qualidade internacional (MARTINS, 2008).

O Laboratório de DNA do Instituto de Polícia Científica da Paraíba (IPC/PB) iniciou suas atividades no ano de 2004, sendo o primeiro do gênero vinculado à Segurança Pública no Norte/Nordeste do país. Ao longo desses anos, o Laboratório de DNA do IPC/PB se notabilizou também por manter sempre aberta as portas para os Estados vizinhos, disponibilizando seu espaço físico para realização de casos de repercussão e cursos de capacitação, já tendo recebido peritos de Alagoas, Ceará, Pernambuco, Piauí, Rio Grande do Norte, Pará e Rondônia.

Seguindo recomendações internacionais, este laboratório participa do GITAD Grupo Iberoamericano de Trabalho de Análise em DNA (GITAD), grupo que controla a qualidade dos laboratórios de análise em DNA do qual participam a maioria dos laboratórios forenses do Brasil e do mundo.

Os exames realizados neste Laboratório ajudam a solucionar diversos crimes ocorridos no Estado da Paraíba, como crimes sexuais, homicídios, roubos e furtos,

além da identificação de corpos em avançado estado de decomposição, o que impossibilita a identificação por seus familiares e por outros métodos usuais.

Estes exames incluem, rotineiramente, a análise de regiões STRs de DNA nuclear e do cromossomo Y, bem como a análise de DNA mitocondrial, um diferencial deste Laboratório em relação aos demais da Região Nordeste.

Os laudos das análises do DNA com os marcadores STRs são expressos em números estatísticos calculados com base nas frequências alélicas destes marcadores na população. Para que os resultados sejam mais significativos e fiéis, é importante que dados populacionais dos valores das frequências de cada alelo possam ser estudados e reunidos nas populações locais.

2.2 Marcadores STRs ou microssatélites

Por todo o genoma estão distribuídos inúmeros marcadores polimórficos de DNA. Estes marcadores deram uma nova dimensão aos estudos moleculares da variabilidade genética, por isso vêm sendo amplamente utilizados em diversas áreas, principalmente em identificação individual, mapeamento de genes e estudos populacionais (SILVA *et al.*, 2011; MARTINS, 2008; AL-ENIZI *et al.*, 2013).

A identificação humana pelo DNA baseia-se no polimorfismo, que é exatamente a diferença na sequência genética de uma pessoa para outra, pois a estrutura química do DNA é praticamente igual em todos os indivíduos, sendo a variabilidade dada no conteúdo informacional representado pela sequência de bases. Assim, cerca de apenas 0,1% de todo o genoma humano varia de uma pessoa para outra, sendo o suficiente para individualizar cada ser humano na medida em que, exceto pelos gêmeos idênticos nenhum ser humano possui exatamente a mesma sequência de bases de outro (RODENBUSCH, 2008; NAKAMURA, 2009).

Os marcadores genéticos são analisados diretamente no DNA, tendo a extraordinária vantagem sobre os sorológicos e os protéicos, pois possuem maior estabilidade física, além de serem encontrados em todas as células somáticas do indivíduo e não só no sangue ou fluidos corporais (SCHINEIDER; MARTIN, 2001; DOLINSKY; FIGUEIREDO, 2009; RODENBUSCH, 2008).

O polimorfismo genético é definido como forma alternativa de um gene específico ou de uma sequência de DNA, que diferem entre si por alterações no comprimento do seguimento de DNA ou alterações do tipo troca de base (GATTÁS; FÍGARO-GARCIA, 2007; GASTALDO, 2012).

Os marcadores polimórficos por alterações no comprimento de seguimento de DNAsão: *Variable Number Tander Repeats* (VNTR) e *Short Tandem Repeats* (STR), e por alterações do tipo troca de base, destaca-se os *Single Nucleotide Polimorphism* (SNP), amplamente distribuídos pelo genoma humano (BUTTLER, 2005 apud GASTALDO, 2012).

Os marcadores polimórficos VNTR também nomeados de minissatélites são repetições de 8 a 80 pares de bases sucessivas, cujo número de repetições e o comprimento variam de um alelo para outro e diferentes alelos são identificados pelo tamanho do seu fragmento (JEFFEREYS *et al.*, 1985b).

Já os marcadores do tipo *Short Tandem Repeat* (STRs), também chamados microssatélites, são sequências de pequeno tamanho de fragmento, geralmente de 1 a 6 nucleotídeos, repetidas lado a lado. Um marcador STR pode apresentar variação no número de repetições de indivíduo para indivíduo (FAN; CHU, 2007; PAULA, 2012).

Estas sequências nucleotídeas repetidas apresentam uma grande variedade de tamanhos, e se diferenciam de acordo com o comprimento da unidade de repetição e o número de repetições contíguas ou o comprimento total da região de repetição (MARTINS, 2008, GASTALDO, 2012).

A grande maioria dos STRs encontra-se em regiões não-codificantes, com apenas 8% localizados em regiões codificantes, apresentam alto nível de polimorfismo, possuem herança mendeliana, e, portanto, segregação independente, elevado índice de discriminação e heterozigose, baixa taxa de mutação, dispersão uniforme no genoma, alto nível de reprodutividade e possibilidade de genotipagem por métodos simples e rápido sendo, portanto, marcadores genéticos importantes em estudos de vínculo genético, identificação criminal de suspeitos, estudos de filogenia, dentre outros (BUDOWLE; BROWN, 2001; AZEVEDO, 2006; JOBIM *et al.*, 2006; MAGALHÃES; SILVA, 2006; RODENBUSCH, 2008; SENS-ABUA'ZAR *et al.*, 2009; SONG *et al.*, 2010; DENG *et.al.*, 2011; ELLEGREN, 2000 apud PAULA, 2012; JAIN *et al.*, 2012; HARES, 2012; RÊGO, 2013).

De fato os microssatélites ou *Short Tandem Repeat* (STR) são os marcadores mais amplamente usados em casos forenses (SILVA *et al.*, 2011; AL-ENIZI *et al.*, 2013).

Embora o genoma humano contenha milhares de marcadores STRs, apenas um pequeno conjunto de loci foi selecionado para uso em testes forenses de identificação humana (BUTLER, 2007; DENG *et al.*, 2011).

A possibilidade de vários marcadores STRs serem amplificados em uma só reação de PCR, através de *kits* multiplex disponibilizados comercialmente, os tornaram imprescindíveis nos laboratórios forenses permitindo um alto poder de discriminação em um único teste, utilizando apenas 1 ng de DNA ou até menos, fornecendo resultados uniformes por meio do conjunto de marcadores selecionados presentes no *kit* (MORETTI, 2009; GASTALDO, 2012).

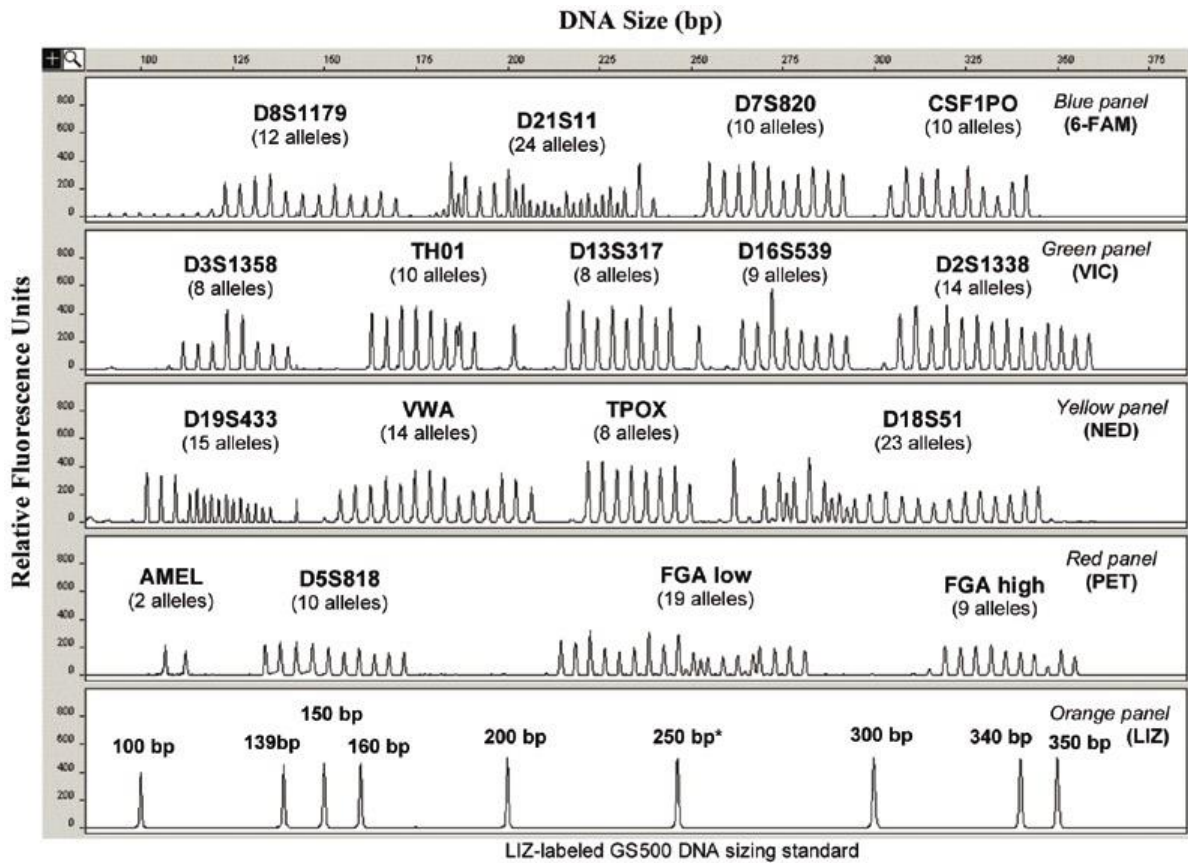
Esta uniformidade de resultado permite o compartilhamento nacional e internacional de perfis de DNA. Atualmente os *Short Tandem Repeats* (STR) são os marcadores forenses usados por excelência (BUTLER, 2007; MANTA *et al.*, 2012a; AL-ENIZI *et al.*, 2013).

Entre os *kits* comerciais mais utilizados em laboratórios forenses que permitem a PCR em uma reação multiplex de marcadores STRs para posterior genotipagem por eletroforese capilar estão o AmpFISTR® Identifiler™ (*Applied Biosystems, Life Technologies*), o PowerPlex®16 e PowerPlex®16HS (*Promega Corporation*) (JOBIM *et al.*, 2006).

O uso crescente e rotineiro destes marcadores por cientistas forenses levou a padronização e normatização destes marcadores. Assim, em 1998, a *International Society for Forensic Genetic* (ISFG) publicou diretrizes sobre a nomenclatura dos sistemas de microssatélites que são observadas de forma universal pelos cientistas forenses (BÄR *et al.*, 1997 apud DENG *et al.*, 2011).

A Figura 1 mostra a escada alélica do *kit* AmpFISTR® Identifiler™ (*Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA*). Este *kit* contém 205 alelos em 16 *loci* co-amplificáveis sendo 15 STRs mais a amelogenina. Os tamanhos dos produtos de PCR – de 100 a 500 pb para os STR – são compatíveis com os fragmentos de DNA degradado encontrados frequentemente nas cenas de crime.

Figura 1: Escada alélica do kit AmpFISTR® Identifiler™ de calibração dos STRs.



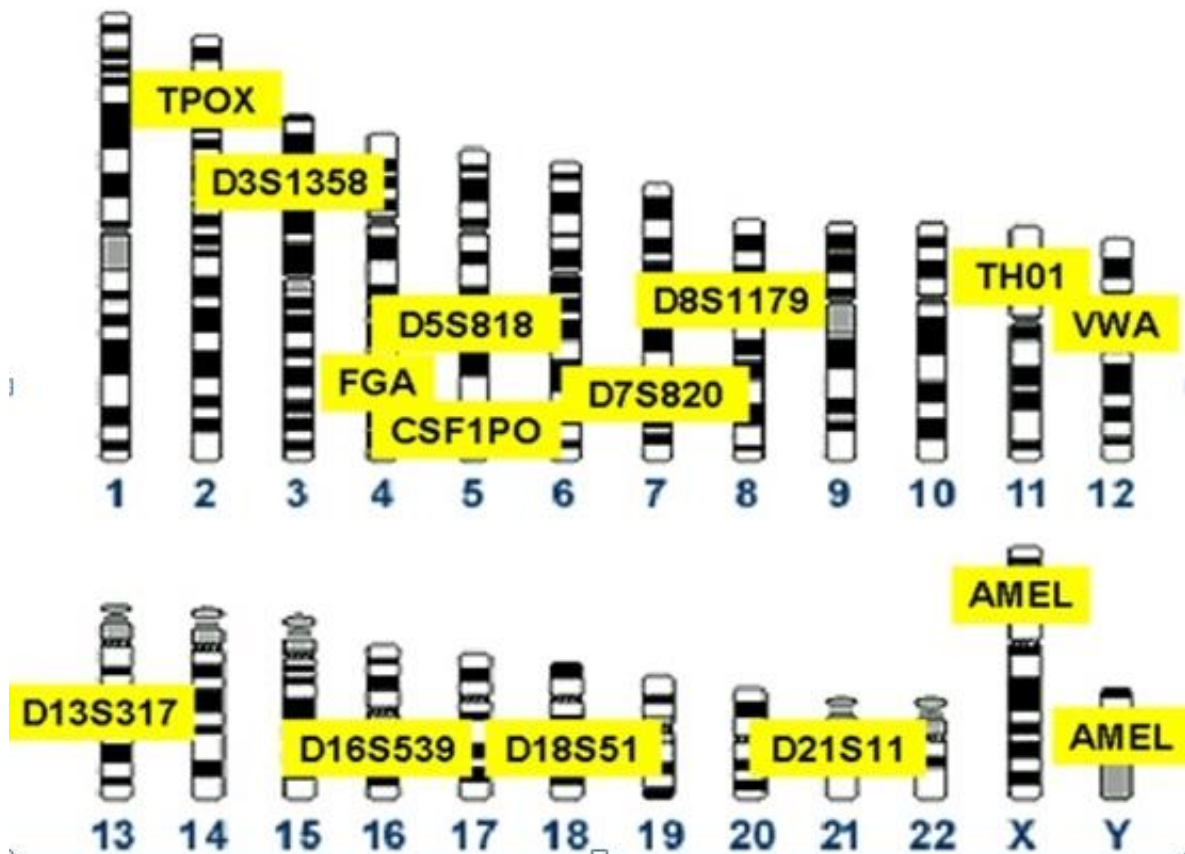
Fonte: Adaptado de Butler *et al.* (2006).

A determinação do genótipo em amostras processadas é realizada pela comparação do tamanho dos alelos em relação ao padrão interno. O pico do padrão GS500, em 250 pb, normalmente não é utilizado devido à migração anômala.

Os marcadores mais difundidos e usados mundialmente incluem os selecionados pela *Federal Bureau of Investigation* (FBI) para formar o banco de dados do *Combined DNA Indexing System* (CODIS). É crescente a demanda de uso de identificação criminal e formação de bancos de dados em todo o mundo por isso os STRs do CODIS estão sendo revisados inclusive com a possibilidade de inclusão de novos marcadores com o objetivo de aumentar o poder de identificação da análise. Atualmente há estudos que recomendam a utilização de pelo menos 15 marcadores genéticos (MORONI *et al.*, 2011; HARES, 2012).

A Figura 2 mostra a localização e a nomenclatura desses marcadores nos cromossomos.

Figura 2: Os treze marcadores do CODIS e sua localização nos cromossomos.



Fonte: NIST (2007).

O uso destes marcadores tem sido útil na informação e formação de bancos de dados populacionais nacionais e regionais, assim como na identificação humana (BUDOWLE *et al.*, 2000; GEADA *et al.*, 2000; BIOND *et al.*, 2001; REICHENPFADER *et al.*, 2003 apud LEITE, 2005).

2.3 Genética forense

A Genética Forense é um ramo da Ciência que usa os conhecimentos e técnicas de genética e biologia molecular para auxiliar a Justiça. É uma investigação científica que realiza exames de DNA em vestígios biológicos (sangue, saliva, cabelo, sêmen ou

outros materiais biológicos) encontrados em locais de crimes; análise de relações biológicas de parentesco bem como identificação individual (BONACCORSO, 2010).

Nos últimos anos, estudos envolvendo o genoma humano vêm sendo de suma importância para as ciências e levando ao aprimoramento da Biologia Molecular com o desenvolvimento de técnicas para a análise populacional de uma forma em geral. Estas técnicas que se baseiam no estudo do DNA são fundamentadas na exclusividade do DNA e na igualdade e invariabilidade deste em todas as células do organismo ao longo da vida (MARTINS, 2008).

O indiscutível poder de discriminação do DNA e a facilidade de se obter o perfil genético possibilitam a identificação de um indivíduo bem como a determinação de vínculo genético entre indivíduos com taxa de erro praticamente zero (RANGEL-VILLALOBOS, 2010).

Por isso, a identificação humana por meio da análise do DNA constitui, atualmente, uma ferramenta da Genética Moderna para a solução de questões de identificação civil e identificação criminal (identificação humana, crimes sexuais, paternidade, levantamento de perfis em locais de crime) (FRANÇA, 2001 apud MARTINS, 2008).

Desde o surgimento da técnica de “*DNA Fingerprinting*” ou tipagem de DNA na década de 80, iniciou-se uma nova era na genética forense, haja vista que os indícios criminais provenientes de materiais biológicos e, portanto passíveis de levantamento genético pela análise do DNA estão presentes em 95% dos casos de crimes sexuais e homicídios (LORENTE ACOSTA, 2002).

O desenvolvimento da técnica de *Polymerase Chain Reaction* – Reação em Cadeia de Polimerase (PCR) na década de 80 iniciou uma grande revolução na prática forense, pois possibilitou que pequenos fragmentos de DNA fossem amplificados (WATSON, 2005; DOLINSKY; FIGUEIREDO, 2009).

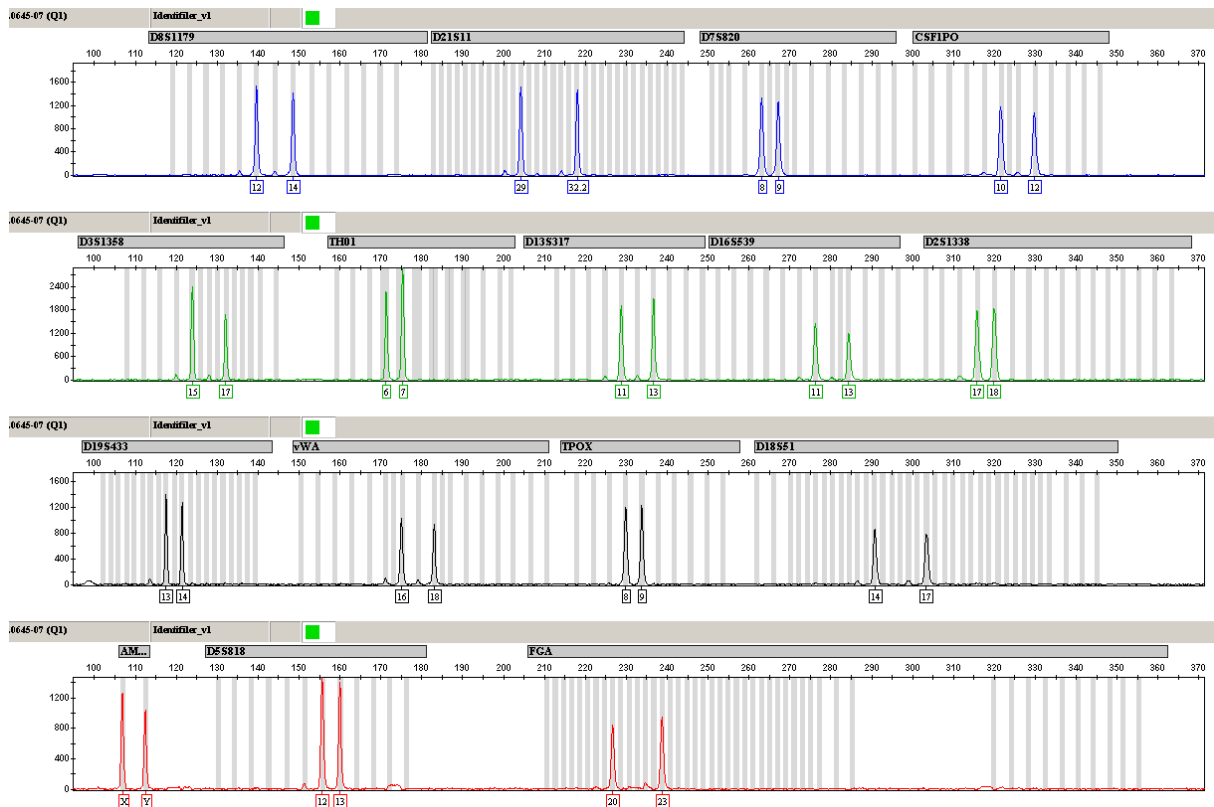
A genética forense foi deveras impulsionada pelo desenvolvimento da técnica de PCR, pelo surgimento de *kits* comerciais para a tipagem de DNA humano com seus *ladders* alélicos, e também pela automação da eletroforese capilar (FRUMKIN *et al.*, 2010; RANGEL-VILLALOBOS, 2010).

O perfil genético de um indivíduo, utilizado para identificação humana, é constituído por diversos marcadores que são herdados dos seus progenitores. O

conjunto destes marcadores identifica o indivíduo, estabelecendo sua individualidade biológica e é o objeto de trabalho da genética forense em suas várias esferas de atuação, servindo de elementos que orientam a análise de vestígios colaborando na elucidação de questões envolvendo a justiça e/ou a polícia (RANGEL-VILLALOBOS, 2010).

A Figura 3 mostra um perfil genético com os marcadores STR autossômicos do *kit* multiplex Identifiler™.

Figura 3: Perfil genético com os marcadores STRs do kit Identifiler™.



Fonte: IPC-PB (2013).

Após o levantamento do perfil genético, o resultado é normalmente expresso sob a forma de um valor estatístico que traduz a frequência esperada da ocorrência desse perfil de DNA em indivíduos não aparentados, dentro de diversos grupos populacionais (MARTINS, 2008).

Apesar do altíssimo poder de discriminação e do grande potencial de esclarecimento, para que as provas genéticas sejam consideradas válidas, os procedimentos de coleta, guarda, análise e retenção de contraprova devem ser

realizados seguindo rigorosamente as regulamentações exigidas (SCHNEIDER; MARTIN, 2001; PRINZ *et al.* 2007, apud PAULA, 2012).

Em quase trinta anos de utilização do DNA na esfera forense, milhares de casos foram solucionados em todo o mundo, permitindo que se evidenciassem inúmeros benefícios como a rápida e precisa identificação de restos mortais, de suspeitos inocentes ou culpados, redução do número de inocentes condenados, identificação de vítimas de acidentes e desastres em massa, tudo isto contribuindo para a melhor administração da Justiça (PAULA, 2012).

2.4 Banco de dados

Bancos de dados são lugares onde pode ser armazenado qualquer tipo de informação de forma ordenada e coerente, de modo que possam ser resgatadas automaticamente e seguindo parâmetros previamente estabelecidos (LORENTE *et al.*, 2010).

Os avanços da tecnologia de DNA permitiram, nas últimas décadas, a sua automação, e conseqüentemente, a criação de bancos de dados de perfis genéticos. Estes bancos de dados utilizam os perfis genéticos obtidos pela amplificação e eletroforese com o uso de *kits* multiplex de marcadores STRs. Entretanto, para uma melhor interpretação dos resultados das análises dos marcadores se faz necessário a existência de bancos de dados de frequências alélicas para a população onde os sistemas serão utilizados (MORETTI, 2009).

É crescente no consenso internacional a necessidade de criação destes bancos para fins civis e criminais bem como a cooperação entre os países.

Os bancos de dados genéticos podem ser: criminais, armazenam perfis de pessoas que tenham sido processadas ou condenadas (dependendo da regulamentação de cada país), assim como de vestígios biológicos encontrados na cena do crime ou civis, que contém dados de parentes e de pessoas desaparecidas, e este necessita da assinatura de um termo de consentimento pelos familiares, o que o diferencia das bases de dados criminais. Como exemplos destes bancos de dados civis temos dois projetos criados no Laboratório de Identificação Genética da Universidade de Granada - Espanha, o Programa Fênix e a iniciativa DNA-Prokids.

O Fênix foi criado em 1998 e destina-se a identificação genética de pessoas desaparecidas. O programa Fênix contém duas bases de dados independentes onde se pode comparar automaticamente sequências de DNA para identificar perfis relacionados entre si. Uma base de dados com os perfis consentidos de parentes com dados de STR autossômicos, cromossomo Y e DNA mitocondrial e a outra com os perfis levantados em cadáver e restos mortais que não puderam ser identificados.

O DNA-Prokids foi colocado em prática em 2004, envolvendo a princípio países da América Central e da Ásia, se expandindo internacionalmente após a colaboração dos professores Bruce Budowle e Arthur Eisenberg do Centro de Identificação Humana da Universidade do Norte do Texas (UNT-HIC), tendo o financiamento de bancos como Banco Bilbao Vizcaya Argentaria (BBVA) e Santander, de empresas multinacionais como a *Life Technologies*. Este projeto visa identificar pela análise do DNA crianças desaparecidas, devolvê-las para as famílias de origem, combatendo e dificultando o tráfico de seres humanos, seja para adoções ilegais, trabalho escravo, prostituição ou doação ilegal de órgãos. Desde sua criação, muitos países já assinaram sua participação no projeto. O DNA-Prokids usa os mesmos marcadores do CODIS no seu banco de dados.

Graças a esta iniciativas, muitas crianças na China, Haiti, Espanha e outros países foram identificadas e devolvidas as suas famílias.

Em 2013, o Laboratório de DNA do Instituto de Polícia Científica do Estado da Paraíba, através da Secretaria de Segurança e Defesa Social assinou o convênio com a Universidade de Granada, para participar oficialmente do Programa DNA-Prokids, que já tem adesão de 17 países e tem por objetivo auxiliar na busca e identificação de crianças e adolescentes desaparecidos em todo o mundo através do exame de DNA de crianças e parentes.

Mais de 60 países em todos os continentes já legalizaram e utilizam bancos de dados de perfis genéticos, e, a cada ano mais países regulamentam a criação e fazem acordos de cooperação que visam essencialmente combater o tráfico de pessoas (sejam para exploração sexual, trabalho escravo, adoções ilegais ou doação de órgãos), identificações criminais e auxílio nas identificações de vítimas de desastres em massas e pessoas desaparecidas.

A formação de banco de dados com as frequências alélicas da população representativa de uma determinada região fornece meios importantes para aumentar a confiabilidade dos resultados de determinação de vínculo genético e identificação humana, na medida em que dificulta eventual distorção de dados (FIGUEIREDO, 2009).

A ciência forense no Brasil inicialmente embasava seus resultados estatísticos em frequências populacionais de bancos de dados do FBI, só após o início dos anos 2000, passou a usar bancos da população brasileira para cada padrão de raça (GRATTAPAGLIA *et al.*, 2001; FIGUEIREDO, 2009).

O primeiro banco de dados de perfis genéticos de criminosos foi criado na Inglaterra, mas, sem dúvida, o banco mais importante foi o Sistema de Índice de DNA Combinado (CODIS) criado pelo FBI nos Estados Unidos. O CODIS começou como um projeto piloto em 1990 e é composto por laboratórios estaduais coordenados por um laboratório central. Este projeto combina Genética Forense e Informática tendo atuação efetiva em investigações criminais, uma vez que permitem que se façam permutas e comparações dos perfis de DNA eletronicamente, além de possibilitar a interligação dos crimes entre si e dos suspeitos envolvidos (MARTINS, 2008; BONACCORSO, 2010).

Até outubro de 2013, o CODIS teve um papel importante em 216.200 investigações criminais (*FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION*, 2013, *on line*).

No Brasil, a Universidade Federal de Alagoas (UFAL), com o apoio financeiro da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Alagoas (FAPEAL) implantou um Banco de Dados Civil de DNA. Este banco reúne informações sobre pessoas desaparecidas, que podem estar vivas ou mortas e que não foram identificadas por métodos tradicionais. Neste banco, são arquivadas informações genéticas obtidas a partir do DNA doado pelos parentes das pessoas desaparecidas e informações genéticas obtidas a partir do DNA extraído de vestígios; o cruzamento dessas informações permite a identificação de indivíduos desaparecidos (MARTINS, 2008).

Outros Estados da Federação como, por exemplo, o Rio de Janeiro, por meio da Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ) e com o apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), está investindo em um banco de dados de DNA para localização de desaparecidos. O centro de pesquisa da UFRJ está

ligado ao Projeto Fênix, que foi criado por pesquisadores da Universidade de Granada, Espanha (MARTINS, 2008).

O Estado de São Paulo vem realizando o projeto denominado “Caminho de Volta”, o qual atende a famílias que tiveram seus filhos desaparecidos com idade inferior a 18 anos. Neste programa, os perfis genéticos de supostos parentes e de crianças desaparecidas ficam armazenados em um banco de dados próprio, e oferece também apoio psicológico as famílias (GATTÁS; FÍGARO-GARCIA, 2007).

A Secretaria Nacional de Segurança Pública (SENASP), em seu projeto ligado ao Ministério da Justiça, também está trabalhando na criação de um banco de dados de DNA criminal (como o CODIS) desde 2009, o qual será constituído por informações genéticas de vítimas e criminosos, além de parentes de pessoas desaparecidas em todo o país.

Neste sentido o Brasil deu um importante passo com a Lei nº 12.654/12 e o Decreto nº 7.950/13 que efetivou a criação do Banco Nacional de Perfis Genéticos (BNPG) e da Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG). Através deles a coleta de material biológico durante a identificação criminal, para fins de cadastramento no banco de perfis poderá ser realizada se o juiz entender que a identificação criminal é importante para as investigações; também durante a execução penal esta coleta será feita em indivíduos condenados por crime hediondo ou crime violento, grave, contra a pessoa (JACQUES, 2013).

Em muitos países inúmeros estudos têm se dedicado à criação de bancos de dados de perfis genéticos de STRs, bem como de cromossomos X e Y, como forma de tornar eficaz esta ferramenta auxiliar da Genética Forense à Justiça. Os perfis genéticos obtidos nos laboratórios capacitados são arquivados em microcomputadores e através de *softwares* específicos podem ser eletronicamente comparados possibilitando o correto armazenamento do banco (KOCH; ANDRADE, 2008).

2.5 População paraibana

O Brasil é um país de dimensão continental, localizado na América do Sul, sendo dividido em cinco regiões geopolíticas: Sul, Sudeste, Norte, Nordeste e Centro-Oeste. Sua população, de acordo com o Censo do IBGE (2010), é de 190.732.694, destes 27.8% está na Região Nordeste.

A colonização do Brasil iniciou em 1500 com a chegada dos portugueses, seguida nos anos seguintes por mais europeus e africanos. Não obstante, deve-se anotar que antes da chegada dos primeiros colonizadores ameríndios habitavam a terra nativa (BARCELOS, 2006; AGUIAR *et al.*, 2011; ARANHA, 2012; VIEIRA *et al.*, 2013).

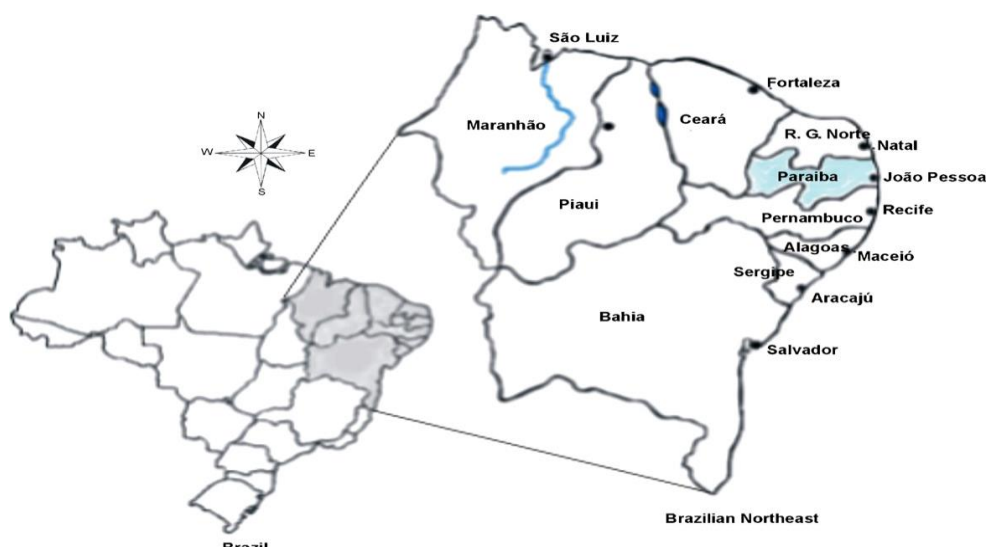
Portanto, o Brasil possui uma população bastante miscigenada tendo ao longo de sua história sofrido grandes influxos migratórios que muito contribuíram para sua composição populacional, predominantemente ameríndios, europeus e africanos (BARCELOS, 2006; PEDROSA, 2006; FRANCEZ *et al.*, 2011; AGUIAR *et al.*, 2011; VIEIRA *et al.*, 2013).

Segundo dados históricos e sociológicos, no povoamento brasileiro ocorreu cruzamento interétnico entre homens europeus e mulheres africanas e ameríndias, sendo assim a contribuição destes grupos étnicos foi de forma desproporcional (CALLEGARI-JACQUES, 2003 apud BARCELOS, 2006; FRANCEZ *et al.*, 2011).

A Paraíba está na Região Nordeste e possui uma população de cerca de 3.815.171 habitantes (1,97% da população do país) distribuída em 223 municípios, numa área de 56.469,466 Km² (IBGE, 2010).

A Paraíba faz fronteira ao norte com o Estado do Rio Grande do Norte, ao leste com o Oceano Atlântico, ao sul com Pernambuco e a oeste com o Ceará (Figura 4).

Figura 4: Mapa do Brasil mostrando a região Nordeste e o Estado da Paraíba.



Fonte: Adaptado de Gomes *et al.* (2007).

3 OBJETIVOS

3.1 Geral

Estabelecer, em indivíduos da população paraibana, a frequência de 15 marcadores STRs em regiões não codificantes dos cromossomos autossômicos, possibilitando a formação de bancos de dados locais a serem utilizados em análise forense e testes de paternidade.

3.2 Específicos

- Estabelecer a frequência de 15 marcadores STR (CSF1PO, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, TH01, TPOX e vWA) em indivíduos de ambos os sexos, não aparentados e nascidos no estado da Paraíba;
- Comparar as frequências encontradas na população estudada com as frequências já estabelecidas em outras populações;
- Identificar os diferentes alelos encontrados na população e determinar suas frequências;
- Demonstrar a diversidade gênica que cada *locus* apresenta.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Materiais

4.1.1 Equipamentos

- Banho seco QUIMIS;
- Centrífuga *Eppendorf* 5415D;
- *Vortex Barnstead/Thermolyne*;
- Pipeta automática *Eppendorf* 0,5-10 μL ;
- Pipeta automática *Eppendorf* 200 μL ;
- Termociclador modelo GeneAmp® PCR System 9700 (*Applied Biosystems*);
- Sequenciador genético ABI PRISM 3130 *Genetic Analyzer* (*Applied Biosystems*);
- Freezer -20°C Consul-260.

4.1.2 Reagentes

- Kit para Extração DNA IQ® (PROMEGA);
- Sistema multiplex AmpF ℓ STR® Identifiler® (*APPLIED BIOSYSTEMS*);
- Sistema multiplex AmpF ℓ STR® Identifiler® Plus (*APPLIED BIOSYSTEMS*).

4.2 Metodologia experimental

4.2.1 Ética em pesquisa

Os procedimentos para a realização desta pesquisa respeitaram as diretrizes e normas que regulamentam as pesquisas envolvendo seres humanos, aprovadas pela Resolução n.º 196, de 10 de outubro de 1996, do Conselho Nacional de Saúde (CNS). O presente projeto foi encaminhado para avaliação ao Comitê de Ética em Pesquisa (CEP) do Centro de Ciências da Saúde (CCS) da Universidade Federal da Paraíba (UFPB) e teve parecer favorável sob o Prot. n 0424/12 (Anexo1).

4.2.2 Seleção da amostra

As amostras foram oriundas do Instituto de Polícia Científica da Paraíba (IPC-PB) e do HEMOCENTRO da Paraíba, composta por 766 indivíduos paraibanos não aparentados, de ambos os sexos, mediante Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (Anexo 2).

4.2.3 Extração de DNA

O DNA foi extraído a partir de alíquotas do *swab* bucal dos indivíduos, que continham células epiteliais da mucosa bucal. Estas alíquotas foram cortadas e armazenadas em microtubos de 2 ml e processadas com o *kit* DNA IQ® (Promega), conforme passos abaixo e de acordo com as recomendações do fabricante (com algumas modificações).

1. Incubação 100µl de tampão de Lise e 1,0µl da DTT por 30 minutos a 95 graus;
2. Transfira alíquota do *swab* para um microtubo de 500 µL feito de cesta;
3. Centrifugue a 1200 rpm por 2 minutos;
4. Homogeneizar a Resina Magnética com o vórtex e adicionar 3,5 µl, pipetando suavemente por 5 vezes;
5. Esperar por 10 minutos dando vórtex por 3 vezes neste intervalo;
6. Agite a suspensão por 10 segundos e coloque o microtubo na estante magnética;
7. Remover e descartar o sobrenadante;
8. Adicionar 100 µl do tampão de Lavagem, pipetando suavemente por 2 vezes;
9. Lavar com o vórtex;
10. Remover e descartar o sobrenadante;
11. Repetir os passos 8, 9 e 10 num total de 3 vezes;

12. Deixar o microtubo aberto em temperatura ambiente por 5 minutos, na estante magnética;
13. Adicionar 50 µl do tampão de eluição, pipetando suavemente até que a resina esteja completamente resuspensa;
14. Incubar a temperatura de 65 graus por 5 minutos;
15. Homogeneizar a Resina Magnética com o vórtex;
16. Colocar na estante magnética;
17. Remover e guardar o sobrenadante (DNA extraído) em novo microtubo.

4.2.4 Amplificação do DNA extraído

As amostras de DNA extraído foram submetidas à Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) com o emprego do sistema multiplex AmpF ℓ STR® Identifiler® e AmpF ℓ STR® Identifiler® Plus (*Applied Biosystems*) com algumas modificações: o volume total da reação foi reduzido de 25 µl para 10 µl, sendo 1 µl de DNA, 3,6 µl do *reaction mix*, 2,4 µl do *primer*, 0,4 µl AmpliTaq Gold® DNA *polymerase* (*Applied Biosystems*) e 2,6 µl de água.

A amplificação foi realizada num termociclador modelo GeneAmp® PCR System 9700 (*Applied Biosystems*) de acordo com as instruções do fabricante.

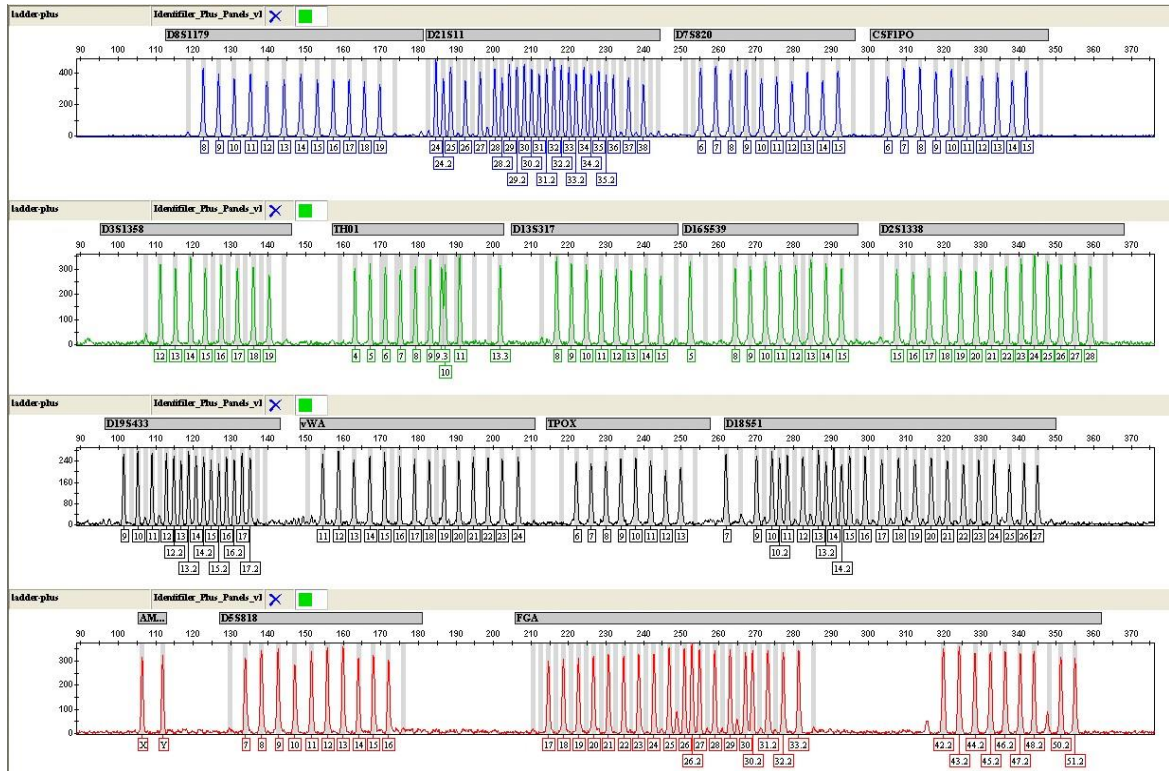
4.2.5 Genotipagem do DNA extraído

Os produtos da amplificação das amostras foram submetidos à eletroforese capilar em sequenciadores genéticos ABI PRISM 3130 e 310 *Genetic Analyzer* (*Applied Biosystems*). Para isso, foi adicionado 1 µl do produto da PCR e 0,4 µl do Liz 500 (padrão de peso molecular) em 10 µl de formamida (Hi-Di deionizada) para a corrida da eletroforese.

Os alelos foram então separados pela eletroforese capilar em polímero POP4 D Module e a análise das 15 regiões (*loci*) STR (CSF1PO, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, FGA, TH01, TPOX e vWA) foi realizada por meio do *software GeneMapper v3.2* (*Applied*

Biosystems). A designação dos alelos foi determinada pela comparação dos fragmentos das amostras com aqueles da escada alélica fornecida pelo próprio *kit*.

Figura 5: Escada alélica do kit Identifiler® Plus (Applied Biosystems).



Fonte: *Applied Biosystems*.

4.2.6 Análise estatística dos dados

Os perfis genéticos dos indivíduos estudados foram analisados quanto aos parâmetros estatísticos forenses através da utilização do programa Arlequin 3.5v e Admix 95, o GDA v 1.1.

Os parâmetros estatísticos forenses considerados foram:

- Probabilidade Cumulativa de Coincidência (MP): é a probabilidade de duas pessoas não relacionadas compartilharem um mesmo perfil genético.
- Poder de Discriminação (PD): é a probabilidade de dois indivíduos selecionados aleatoriamente na população não possuírem o mesmo perfil genético.

- Poder de Exclusão (PE): é a probabilidade, em média, de um indivíduo selecionado ao acaso em um caso de paternidade típico de um pai-mãe-criança, ser excluído da paternidade.

- Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC); – é uma medida do grau de polimorfismo de um *locus* e é dependente do número e da frequência dos alelos. Valor superior a 0,5 significa que o sistema é bastante informativo. Para valores entre 0,25 e 0,5, considera-se o sistema como razoavelmente informativo e valores menores que 0,25 são poucos informativos (BOTSTEIN *et al.*, 1998 apud MORETI, 2011).

- Índice Típico de Paternidade Cumulativo (TPI): este índice representa quantas vezes é mais provável que a pessoa testada seja o pai biológico, ao invés de um indivíduo selecionado aleatoriamente na população.

Além dos parâmetros forenses, foi realizado o cálculo de Heterozigosidade esperada (He), Heterozigosidade observada (Ho), percentagem de indivíduos homozigotos (Hom) e percentagem de indivíduos heterozigotos (Het).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Parâmetros estatísticos no conjunto total de *loci*

Para realizar um estudo populacional de forma que os resultados sejam representativos da frequência alélica da região, Chakraborty (1992) demonstrou que a amostra ideal varia de 100 a 150 indivíduos, sendo este montante o suficiente para representar todos os *locus* genéticos utilizados em Genética Forense apresentando assim um resultado significativo e fiel.

No estudo realizado, as frequências alélicas dos 766 indivíduos paraibanos não aparentados, bem como o Conteúdo de Informação de Polimorfismo (PIC), Poder de Discriminação (PD), Poder de Exclusão (PE), Probabilidade Cumulativa de Coincidência (MP) e o Índice Típico de Paternidade (TPI), Heterozigosidade esperada (H_e), Heterozigosidade observada (H_o), Percentagem de Homozigotos (Hom), Percentagem de Indivíduos Heterozigotos (Het), foram calculados para cada *locus* usando o *software* Arlequin versão 3.5 e *PowerStats* v. 1.2. A mistura interétnica foi calculada usando o *software* ADMIX 95. O equilíbrio de Hardy-Weinberg (p) foi calculado com o programa GDA v. 1.1 (TEREBA, 1999; EXCOFFIER, LISCHER, 2009).

A análise dos 15 marcadores autossômicos do tipo STR, de indivíduos não aparentados, revelou um total de 187 alelos distintos. A Tabela 1 ilustra o número de alelos obtidos, variação e alelos mais frequentes em cada marcador genético e as tabelas 2, 3 e 4 ilustram todos os alelos obtidos nos marcadores analisados da população em estudo.

Analisando os dados da tabela 1, podemos observar que os marcadores genéticos TPOX, D13S317 e D7S820 apresentaram o menor número de alelos (apenas 8 alelos). Este resultado é ligeiramente diferente dos resultados obtidos em outros estudos conduzidos na população brasileira (GRATTAPAGLIA *et al.*, 2001; AGUIAR *et al.*, 2011).

Por outro lado, o marcador genético D21S11, com um total de 22 alelos, se mostrou o mais polimórfico dos marcadores analisados, resultado similar ao obtido por Grattapaglia *et al.* (2001), porém diverso do verificado em Aguiar *et al.* (2011).

Tabela 1: Número de alelos obtidos, variação e alelos mais frequentes.

Locus	Variação de Alelos	Número de Alelos	Alelos mais Frequentes	
			Alelo	Frequência
D8S1179	5-17	11	13	0,307
			14	0,227
D21S11	24.2-38	22	30	0,250
			29	0,207
D7S820	7-14	8	10	0,276
			11	0,241
CSF1PO	6-15	10	12	0,329
			11	0,303
D3S1358	12-20	9	15	0,308
			16	0,291
TH01	5-12	10	7	0,231
			9.3	0,216
D13S317	8-15	8	12	0,310
			11	0,296
D16S539	6-15	9	11	0,268
			12	0,244
D2S1338	14-27	14	17	0,203
			20	0,124
D19S433	9-17	17	14	0,281
			13	0,260
vWA	11-22	12	16	0,275
			17	0,257
TPOX	6-13	8	8	0,405
			11	0,288
D18S51	10-27	18	14	0,163
			15	0,147
D5S818	7-16	10	11,12	0,337
			13	0,159
FGA	15-33.2	21	22	0,155
			21	0,151

Pela análise das tabelas 2, 3 e 4, comparando-se a frequência de todos os alelos obtidos, podemos observar que o alelo 8 do marcador genético TPOX foi o mais habitual, sendo observado em 40,5% dos indivíduos estudados, dados similares aos obtidos por Grattapaglia *et al.* (2001) e Aguiar *et al.* (2011).

Tabela 2: Frequência de alelos dos marcadores D8S1179, D7S820, CSF1PO, TH01 e D13S317.

Alelos	D8S1179	D7S820	CSF1PO	TH01	D13S317
5	0,001			0,001	
6			0,001	0,200	
6.3				0,001	
7		0,013	0,023	0,231	
8	0,004	0,161	0,018	0,173	0,080
9	0,004	0,104	0,020	0,165	0,077
9.3				0,216	
10	0,066	0,276	0,247	0,012	0,052
10.2					
11	0,073	0,241	0,303	0,001	0,268
12	0,138	0,163	0,329	0,001	0,310
12.2					
13	0,307	0,036	0,051		0,124
13.2					
14	0,227	0,005	0,008		0,061
14.2					
15	0,144		0,001		0,001
15.2					
16	0,034				
16.2					
17	0,003				

Tabela 3: Frequência de alelos dos marcadores D16S539, D19S433, TPOX, D18S51 e D5S818.

Alelos	D16S539	D19S433	TPOX	D18S51	D5S818
5					
6	0,001		0,024		
6.3					
7			0,009		0,023
8	0,014		0,405		0,014
9	0,199	0,001	0,147		0,053
9.3					
10	0,098	0,003	0,063	0,002	0,062
10.2		0,002			
11	0,268	0,028	0,288	0,016	0,337
11.2		0,002			
12	0,244	0,096	0,061	0,115	0,337
12.2		0,014			
13	0,144	0,260	0,003	0,098	0,159
13.2		0,043			
14	0,030	0,281		0,162	0,012
14.2		0,037			
15	0,001	0,122		0,147	0,002
15.2		0,059			
16		0,037		0,135	0,001
16.2		0,013			
17		0,001		0,131	
17.2		0,002			
18				0,087	
18.2					
19				0,052	
20				0,029	
21				0,017	
21.2				0,001	
22				0,004	
23					
23.2					
24				0,001	
24.2					
25				0,001	
25.2					
26				0,001	
26.2					
27				0,001	

Tabela 4: Frequência de alelos dos marcadores D21S11, D3S1358, D2S1338, Vwa e FGA.

Alelos	D21S11	D3S1358	D2S1338	Vwa	FGA
11				0,006	
12		0,003		0,002	
12.2					
13		0,002		0,005	
13.2					
14		0,062	0,001	0,079	
14.2					
15		0,308	0,004	0,121	0,001
15.2					
16		0,291	0,038	0,275	
16.2					
17		0,203	0,203	0,257	0,003
17.2					
18		0,119	0,087	0,166	0,007
18.2					0,003
19		0,010	0,121	0,060	0,055
20		0,002	0,124	0,024	0,116
21			0,066	0,004	0,151
21.2					0,001
22			0,091	0,001	0,155
23			0,096		0,131
23.2					
24			0,078		0,003
24.2	0,002				0,154
25			0,063		
25.2	0,002				0,138
26			0,022		0,046
26.2	0,001				
27	0,031		0,004		0,023
28	0,139				0,004
29	0,207				
29.2	0,002				
30	0,250				0,003
30.2	0,026				0,002
31	0,061				0,001
31.2	0,107				0,003
32	0,015				
32.2	0,099				
32.3	0,001				
33	0,001				
33.2	0,037				0,002
34.2	0,004				
35	0,007				
35.2	0,001				
36	0,006				
37	0,002				
38	0,001				

Os parâmetros forenses investigados mostraram valores médios altos: Conteúdo de polimorfismo informativo (PIC) = 77%; Poder de Discriminação (PD) = 93%; Poder de Exclusão (PE) = 59%; heterozigosidade observada (Ho) = 79%; Probabilidade cumulativa de coincidência (MP) = 0,00000000000000000079 (probabilidade de encontrar outra pessoa com o mesmo perfil genético usando os 15 marcadores), e índice típico de paternidade cumulativo (TPI) = 962.006,45 (índice baseado na estatística Bayesiana que indica a razão entre a possibilidade do suposto pai não ser parente verdadeiro, usando os 15 marcadores analisados).

Os resultados relativos aos cálculos de poder de discriminação demonstram que os loci com maior poder de discriminação são o D2S1338 (97,6%), D18S51 (97,3%) e o FGA (96,9%), (Tabela 5). O *locus* com menor poder de discriminação é o TPOX, com 87,9%. O poder de discriminação é inversamente proporcional às frequências alélicas, sendo os *loci* com maior poder de discriminação aqueles que apresentam alelos com baixa frequência (MORETTI, 2009).

O valor do conteúdo de polimorfismo informativo (PIC) é um indicativo da capacidade informativa de um marcador em estudos genéticos (segregação, identificação de populações e controle de paternidade). Seu cálculo é diretamente ligado ao número de alelos, suas frequências e do tamanho da amostra. Na população analisada (Paraíba) em todos os marcadores o PIC foi superior a 0,5 sendo considerados muito informativos. Os valores do PIC dos 15 marcadores variaram de 0,681 (TPOX) a 0,877 (D2S1338), conforme tabela 5.

Os resultados dos cálculos dos parâmetros forenses em relação à paternidade indicam o marcador FGA como o *locus* com maior poder de exclusão (74,5%) e maior índice típico de paternidade (4,007). Na outra ponta, o *locus* CSF1PO apresentou o menor valor de poder de exclusão (43,2%). Esta é a chance de um indivíduo falsamente acusado de uma paternidade apresentar esse *locus*. O poder de exclusão está relacionado diretamente ao grau de polimorfismo do *locus* e conseqüentemente, também com distribuição das frequências alélicas.

O poder de discriminação e o poder de exclusão para os 15 STRs estudados foram 99.999999999992% e 99.9999%, respectivamente.

A Probabilidade Cumulativa de Coincidência (MP) é a probabilidade de duas pessoas não relacionadas compartilharem um mesmo perfil genético, e é calculado a

partir da soma dos quadrados das frequências genotípicas, no estudo da população paraibana variou de 0,024 (D2S1338) a 0,121 (TPOX).

Tabela 5: Parâmetros forenses analisados para cada marcador.

	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358
Poder de Discriminação (PD)	0,935	0,957	0,930	0,890	0,901
Poder de Exclusão (PE)	0,596	0,664	0,640	0,432	0,542
Conteúdo de Informação de Polimorfismo (PIC)	0,777	0,830	0,772	0,689	0,723
Índice de Paternidade Cumulativo Típico (TPI)	2,482	3,016	2,805	1,680	2,158
Probabilidade Cumulativa de Coincidência (MP)	0,065	0,043	0,070	0,110	0,099
	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433
Poder de Discriminação (PD)	0,930	0,923	0,928	0,976	0,945
Poder de Exclusão (PE)	0,573	0,517	0,583	0,727	0,603
Conteúdo de Informação de Polimorfismo (PIC)	0,773	0,753	0,767	0,877	0,799
Índice de Paternidade Cumulativo Típico (TPI)	2,338	2,033	2,397	3,740	2,527
Probabilidade Cumulativa de Coincidência (MP)	0,070	0,077	0,072	0,024	0,055
	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
Poder de Discriminação (PD)	0,935	0,879	0,973	0,890	0,969
Poder de Exclusão (PE)	0,590	0,469	0,695	0,504	0,745
Conteúdo de Informação de Polimorfismo (PIC)	0,779	0,681	0,870	0,699	0,861
Índice de Paternidade Cumulativo Típico (TPI)	2,439	1,821	3,339	1,975	4,007
Probabilidade Cumulativa de Coincidência (MP)	0,065	0,121	0,027	0,110	0,031

Os trabalhos usando marcadores genéticos visando posterior aplicação na prática forense necessitam do cálculo do equilíbrio de Hardy-Weinberg. Se uma população está em equilíbrio de Hardy-Weinberg, presume-se que esta é infinita, que não há eventos de mutação e seleção, que os cruzamentos são aleatórios e que o fluxo gênico existente não é capaz de alterar a composição alélica desta população nas gerações seguintes. Assim, através das frequências alélicas obtidas, é possível determinar a proporção dos diferentes genótipos da população (MARTINS, 2008, MORETTI, 2009).

No estudo foi utilizado o programa GDA v. 1.1 para o cálculo deste equilíbrio em que a probabilidade p é maior que 0,003333, após correção de Bonferroni (α/k), sendo $\alpha = 0,05$ e $k=15$ (número de *loci*) e indica que a população da Paraíba está em equilíbrio de Hardy-Weinberg (tabela 6) (LEWIS; ZAYKIN, 2002).

A importância deste teste reside nas informações sobre a indicação de excessos de homozigotos na amostra, na detecção da presença de alelos nulos, além da perfeita independência dos alelos testados nos *loci* existentes na população sob análise, garantindo a qualidade do banco de dados demonstrando que as frequências encontram-se em equilíbrio (BUTLER, 2005).

A heterozigosidade é equivalente à quantidade de heterozigotos esperada em uma população panmítica (aquela em que os cruzamentos entre indivíduos de diferentes genótipos ocorrem ao acaso, sem qualquer preferência), e fornece uma ideia do nível de variação genética em uma população. Essa heterozigosidade está relacionada à diversidade e à frequência alélica dos marcadores. Uma alta variabilidade alélica e baixa frequência destes alelos individualmente significam alto índice de heterozigose. Analisando-se a tabela 6, o marcador FGA mostrou o maior nível de heterozigosidade (87,5%), resultado esperado visto que este marcador é um dos que possui maior variabilidade alélica entre os pesquisados neste estudo. O marcador CSF1PO mostrou-se o marcador com menor nível de heterozigosidade (70,2%). Isto se dá pelo fato de que seus dois alelos mais corriqueiros apresentarem alta frequência (frequência somada de 63,2%) (tabela 1).

Tabela 6: Resultados obtidos para o cálculo de equilíbrio de Hardy-Weinberg na população da Paraíba.

Locus	Heterozigose Observada	Heterozigose Esperada	Porcentagem de indivíduos Heterozigotos	Porcentagem de indivíduos Homozigotos	p	Desvio-padrão
D8S1179	0,798	0,804	0,799	0,201	0,53295	0,00038
D21S11	0,834	0,848	0,834	0,166	0,35537	0,00028
D7S820	0,821	0,802	0,822	0,178	0,65197	0,00046
CSF1PO	0,702	0,736	0,702	0,298	0,59752	0,00039
D3S1358	0,768	0,762	0,768	0,232	0,35089	0,00034
TH01	0,788	0,804	0,786	0,214	0,40799	0,00040
D13S317	0,755	0,784	0,754	0,246	0,45714	0,00045
D16S539	0,791	0,798	0,791	0,209	0,36731	0,00039
D2S1338	0,866	0,888	0,866	0,134	0,53933	0,00038
D19S433	0,802	0,821	0,802	0,198	0,03379	0,00012
vWA	0,796	0,807	0,795	0,205	0,36933	0,00028
TPOX	0,725	0,724	0,725	0,275	0,50703	0,00045
D18S51	0,850	0,883	0,850	0,150	0,00407	0,00005
D5S818	0,746	0,741	0,747	0,253	0,10136	0,00021
FGA	0,875	0,875	0,875	0,125	0,14750	0,00015

Ao comparar as frequências alélicas obtidas para os 15 STR autossômicos investigados na população da Paraíba (tabela 7) com as frequências descritas nos três grupos étnicos parentais (europeus, africanos e nativos americano) usando o programa ADMIX 95, podemos estimar as contribuições Europeia, Africana e Nativo Americana, sendo as mesmas 67,33%, 25,85%, 6,86% respectivamente. A contribuição Europeia também foi maior na população do Macapá, sendo de 46%, e os demais grupos tiveram a seguinte representatividade 35% para Nativo Americano e 19% de Africano (FRANCEZ *et al.*, 2011).

Tabela 7: Proporção de mistura de Populações Parentais.

	População	Média ± desvio padrão
1	Africana	25,86 ± 0,87%
2	Nativo Americana	6,81 ± 0,39%
3	Europeia	67,33 ± 0,73%

5.2 Frequências alélicas

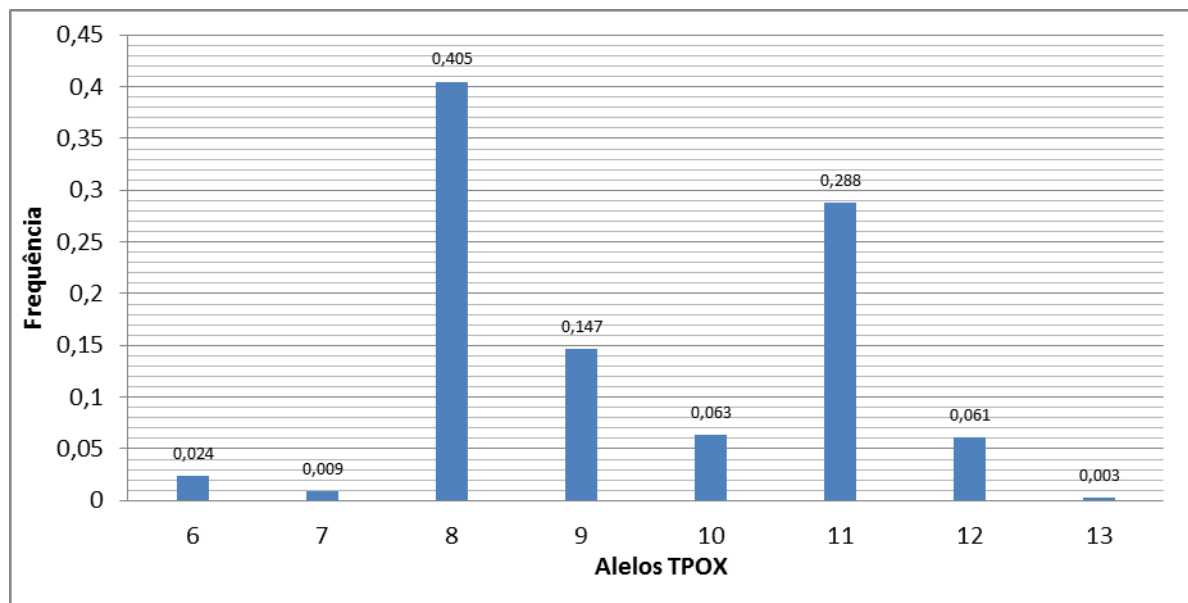
Embora uma das características mais importante dos microssatélites disponíveis na literatura e utilizados em análises forenses seja o seu polimorfismo, isto é, apresentar muitos alelos tanto nas populações parentais quanto naquelas em que teve miscigenação entre dois ou mais grupos populacionais, sabe-se que pode ocorrer, entretanto, que um alelo seja mais frequente em uma população que em outra (FERREIRA, 2011).

No presente trabalho foi comparado as frequências alélicas obtidas da população paraibana com outros estudos populacionais (Anexo 3).

5.2.1 TPOX

O marcador TPOX é um STR autossômico localizado no braço curto do cromossomo 2, apresenta as repetições de bases (AATG) n e está associado ao gene da tireóide peroxidase humana (NIST, 2013).

Gráfico 1. Distribuição das frequências alélicas do marcador TPOX.



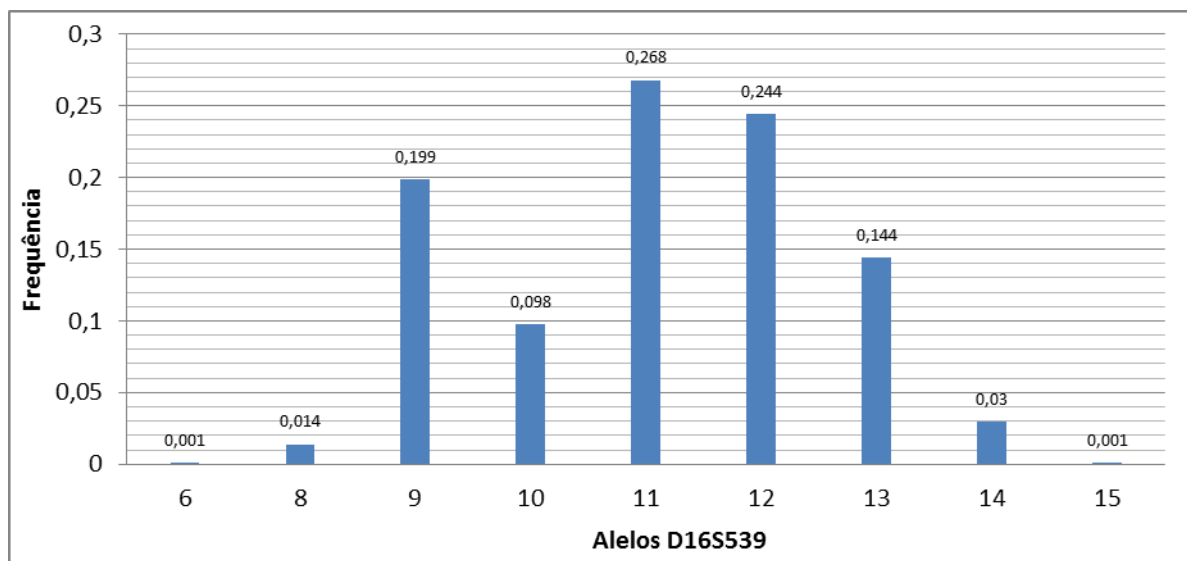
Para o marcador genético TPOX, o alelo 8 foi o mais frequentemente observado na população da Paraíba (0,405) seguido do 11 (0,288) e em diversas populações como São Paulo (BYDLOWSKI *et al.*, 2003, FRIDMAN *et al.*, 2008); México

(LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005); Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007); Tibetanos de Naqu e Changdu (LONGLI *et al.*; 2007); Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009); Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010); Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011); Macapá (FRANCEZ, *et al.*, 2011); Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011); Rio de Janeiro (ARANHA, 2012) e Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013), indicando uma homogeneidade na distribuição dos alelos desse *locus* em variadas regiões.

5.2.2 D16S539

O marcador D16S539 é um STR autossômico localizado no braço longo do cromossomo 16, apresenta as repetições de bases (GATA) n , não está associado ainda a uma codificação gênica específica (NIST, 2013).

Gráfico 2. Distribuição das frequências alélicas do marcador D16S539.



Em relação ao marcador genético D16S539, o alelo 11 apresentou a maior frequência na população estudada (0,268), o mesmo ocorreu em estudos em outras regiões do Brasil como em indígenas da Amazônia brasileira (Terenas) (MANTA *et al.*, 2012b); Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); mulatos em São Paulo (BYDLOWSKI *et al.*, 2003); no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011), no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012); em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013); Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011) bem como em estudos na população de Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011),

Tibete (LONGLI *et al.*, 2007), Brasil (AGUIAR *et al.*, 2011), Itália (BRISIGHELLI *et al.*, 2009) e leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011).

O segundo mais frequente na população estudada para este marcador foi o alelo 12 (0,244), o mesmo foi demonstrado em indígenas da Amazônia brasileira (Terenas) (MANTA *et al.*, 2012b), no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009), no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011), no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012); em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013), em Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011) e na Itália (BRISIGHELLI *et al.*, 2009).

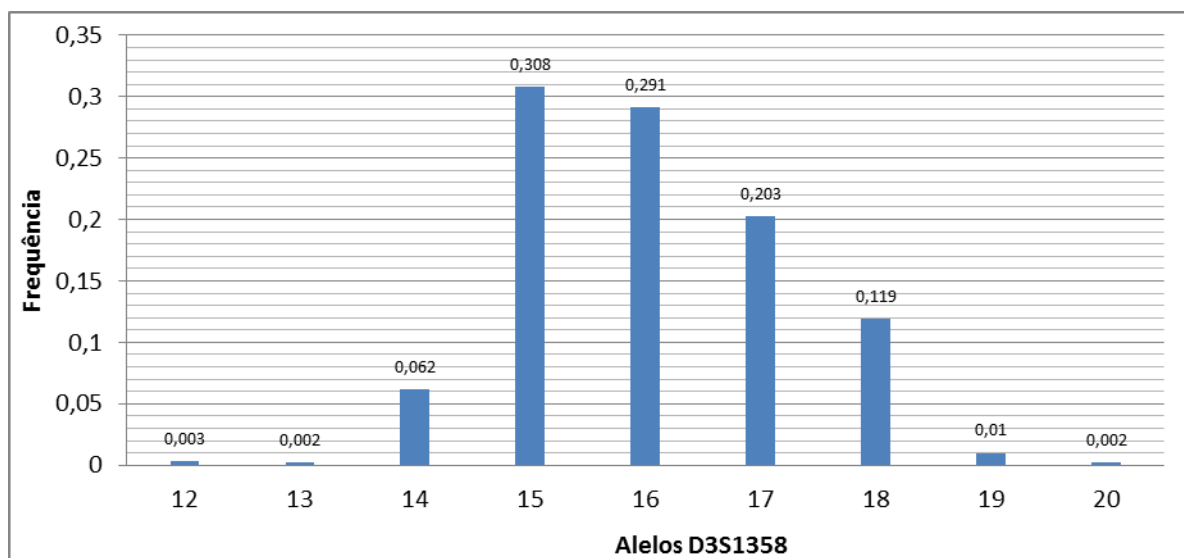
Alguns estudos, entretanto, apresentaram a frequência do alelo 12 como sendo a maior para este marcador no México (LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005); Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007); Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009) e Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010).

5.2.3 D3S1358

O marcador D3S1358 é um STR autossômico localizado braço curto do cromossomo 3, apresenta as repetições de bases (TCTA)_n, não está associado ainda a uma codificação gênica específica (NIST, 2013).

Para o microssatélite D3S1358 foram observados alelos que se estenderam do 12 ao 20. O alelo mais frequente foi o 15, seguido pelo 16 e os alelos mais raros foram o 13 e 20, ambos com frequências alélicas de 0,002.

Gráfico 3. Distribuição das frequências alélicas do marcador D3S1358.



A maior frequência observada no *locus* D3S1358, foi do alelo 15 (0,308) para a população da Paraíba, resultado semelhante em indígenas da Amazônia brasileira (Terenas) (MANTA *et al.*, 2012b), no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); em São Paulo (FRIDMAN *et al.*, 2008); no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011), Rio de Janeiro (ARANHA, 2012); em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013); no México (LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005); Brasil (AGUIAR *et al.*, 2011); Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011), Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010), Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009) e leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011). Na população italiana o mais frequente no sul foi o 16 e no norte o 17 (ANDREINI *et al.*, 2007).

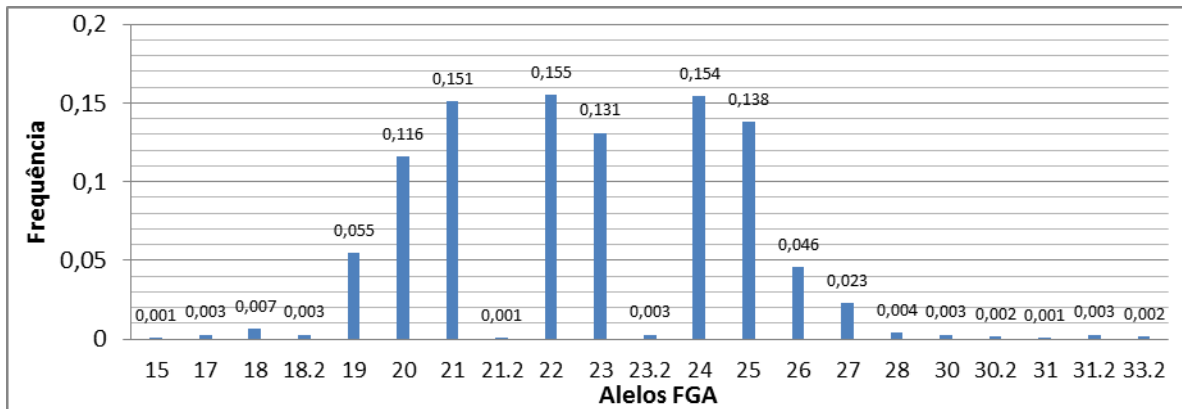
O alelo 16 do marcador D3S1358, na população estudada, foi segundo em frequência (0,291), assim também foi observado no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); em São Paulo (FRIDMAN *et al.*, 2008); no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011); em indígenas da Amazônia brasileira (Terenas) (MANTA *et al.*, 2012b), no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012); em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013); no México (LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005); no Norte de Portugal (LOPES *et al.*, 2009); no leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011) e na China (DENG *et al.*, 2011).

5.2.4 FGA

O marcador FGA é um STR localizado no braço longo do cromossomo 4 apresenta as repetições de bases (CTTT)_n, está associado ao gene humano do fibrinogênio alfa (NIST, 2013).

Para o microssatélite FGA foram observados alelos que se estenderam do 15 ao 33.2. O alelo mais frequente é o 22, seguido pelo 24 e os alelos mais raros foram os 15, 21.2, 31, sendo todos com frequências alélicas de 0,001, seguido pelo alelo 30.2 e 33.2 com a frequência alélica de 0,002.

Gráfico 4. Distribuição das frequências alélicas do marcador FGA.



No caso do marcador genético FGA, o alelo mais frequente foi o 22 (0,155) valor muito próximo do segundo mais frequente destacado que foi o 24 (0,154). As seguintes populações também apresentaram o alelo 22 como a maior frequência: São Paulo (FRIDMAN *et al.*, 2008); Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011), Rio de Janeiro (ARANHA, 2012), Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013); Itália (BRISIGHELLI *et al.*, 2009); Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010) e leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011).

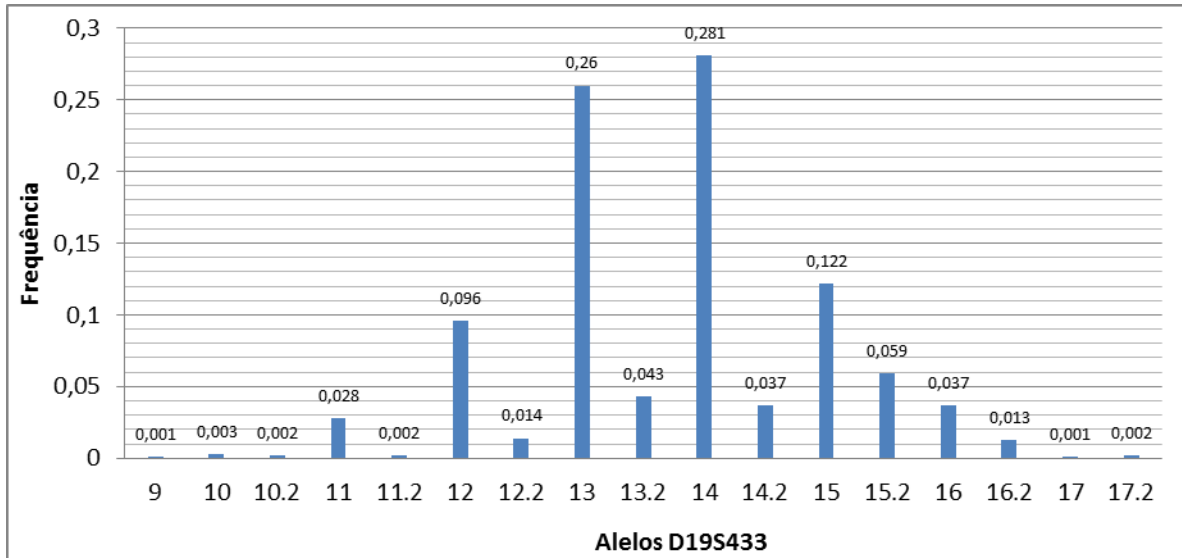
Já o alelo 24, segundo mais observado na Paraíba (0,154), coincidiu desta forma com as populações de Tibetanos de Naqui (LONGLI *et al.*, 2007), São Paulo (FRIDMAN *et al.*, 2008); Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010). Diferentemente do encontrado em Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009), Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011), Terebas da Amazônia (MANTA *et al.*, 2012b) e Sul da Itália (ANDREINI *et al.*, 2007), onde foi para este marcador o alelo mais encontrado.

5.2.5 D19S433

O marcador D19S433 é um STR localizado no braço longo do cromossomo 19 apresenta as repetições em sequência das bases (AAGG)_n, e não está associado ainda a uma codificação gênica específica (NIST, 2013).

Para o microssatélite D19S433 foram observados alelos que se estenderam do alelo 9 ao 17.2, sendo o mais frequente o alelo 14 e o alelo mais raro foi o 9 e 17, seguido do 11.2 e 17.2 com frequência de 0,001 e 0,002 respectivamente.

Gráfico 5. Distribuição das frequências alélicas do marcador D19S433.



No *locus* D19S433, o alelo 14 se destacou com a maior frequência (0,281). Sendo também o alelo mais frequente nas populações estudadas no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); em São Paulo (FRIDMAN *et al.*, 2008) ; no México (LUNA-VAZQUEZ, 2005); em tibetanos de Naqu (LONGLI *et al.*, 2007), na Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007); Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009) e Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010). Nos estudos de DENG *et al.*(2011) e ARANHA (2012) foi o segundo em destaque neste marcador tendo o 13 sido neste caso, o primeiro.

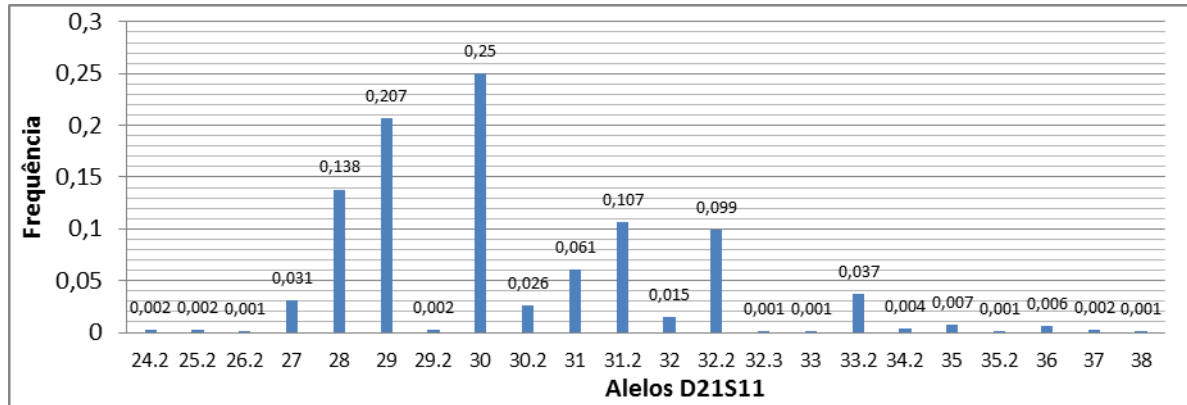
Já na Paraíba, o segundo em destaque foi o alelo 13 (0,260) de forma coincidente com o Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); no México (LUNA-VAZQUEZ, 2005); em tibetanos de Naqu (LONGLI *et al.*, 2007), na Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007); Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009) e Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010).

5.2.6 D21S11

O marcador D21S11 é um STR localizado no braço longo do cromossomo 21 apresenta as repetições de bases tetranucleotídicas (TCTA)_n e (TCTG)_n, não está associado ainda a uma codificação gênica específica. É um alelo muito polimórfico com 44 alelos descritos na literatura (GRIFFITHS, 2009; NIST, 2013).

Para o microssatélite D21S11 foram observados alelos que se estenderam do alelo 24.2 ao 38, sendo o mais frequente o 30, seguido pelo 29 e os alelos mais raros foram 26.2, 32.3, 33, 35.2 e 38 com frequências alélicas de 0,001.

Gráfico 6. Distribuição das frequências alélicas do marcador D21S11.



No marcador D21S11, os alelos 30 e 29 apresentaram as maiores frequências (0,250 e 0,207, respectivamente). Estes também foram os alelos de maior ocorrência nas populações de São Paulo (GRATAPAGLIA *et al.*, 2001, FRIDMAN, 2008); do Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011); Rio de Janeiro (ARANHA, 2012); do México (LUNA-VAZQUEZ, 2005); da Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007); Sul da Itália (ANDREINI, 2007); do Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009); do Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010); de Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011) e do Leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011). Pequena divergência ocorreu com Terebas na Amazônia (MANTA *et al.*, 2012b) que mesmo tendo sido o alelo 30 em primeiro lugar o segundo foi representado pelo 31.

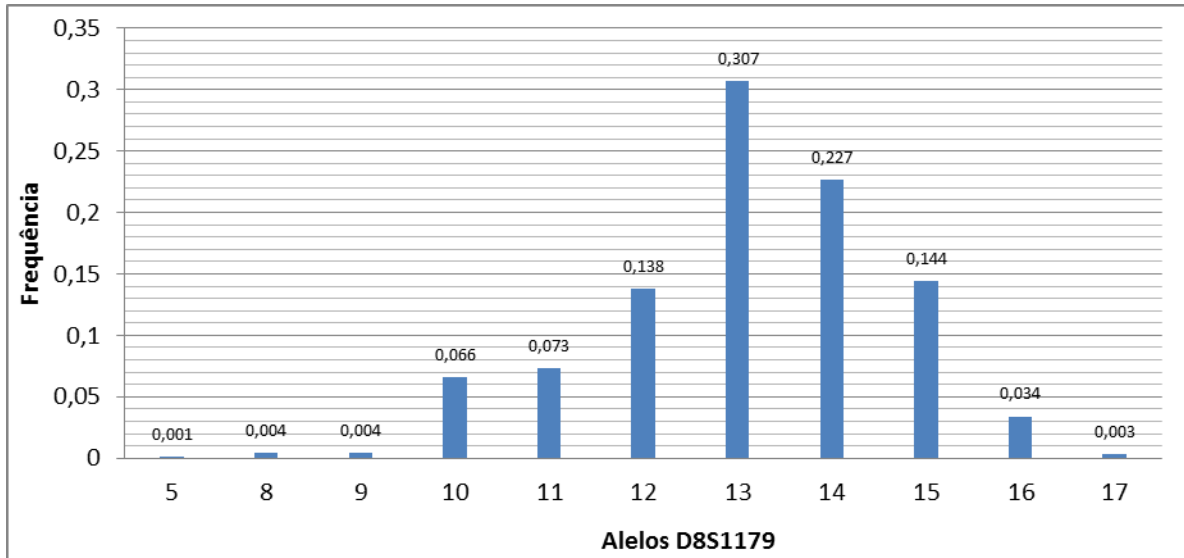
Também em relação ao *locus* D21S11 o inverso se apresentou, ou seja, o 29 foi o mais frequente seguido do 30 nas populações estudadas por Brisighelli *et al.* (2009) e Andrieni *et al.* (2007) (só em relação ao norte da Itália).

5.2.7 D8S1179

O marcador D8S1179 é um STR localizado no braço longo do cromossomo 8 apresenta as repetições de bases tetranucleotídicas (TCTA)_n e não está associado ainda a uma codificação gênica específica (NIST, 2013).

Para o microsatélite D8S1179 foram observados alelos que se estenderam do 5 ao 17, sendo o alelo mais frequente o 13, seguido do 14 e o alelo mais raro foi o 5 com FA de 0,001.

Gráfico 7. Distribuição das frequências alélicas do marcador D8S1179.



Para este marcador genético, os alelos mais observados foram o 13 e o 14 nesta ordem, representado respectivamente por (0,307) e (0,227). Similarmente, em trabalhos em indígenas da Amazônia brasileira (Terenas) (MANTA *et al.*, 2012b), Brasil (GRATTAPAGLIA *et al.*, 2001; AGUIAR *et al.*, 2011); em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013); em Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011), no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); em São Paulo (FRIDMAN *et al.*, 2008); no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011); no México (LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005); no Tibete na China (LONGLI *et al.*, 2007); na Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007); Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011); Itália (ANDREINI *et al.*, 2007; BRISIGHELLI *et al.*, 2009); Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010), Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009) e Leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011). Apenas na população do Rio de Janeiro, pesquisada por Aranha (2012), a ordem foi inversa, sendo mais observado o alelo 14 primeiro e depois o 13.

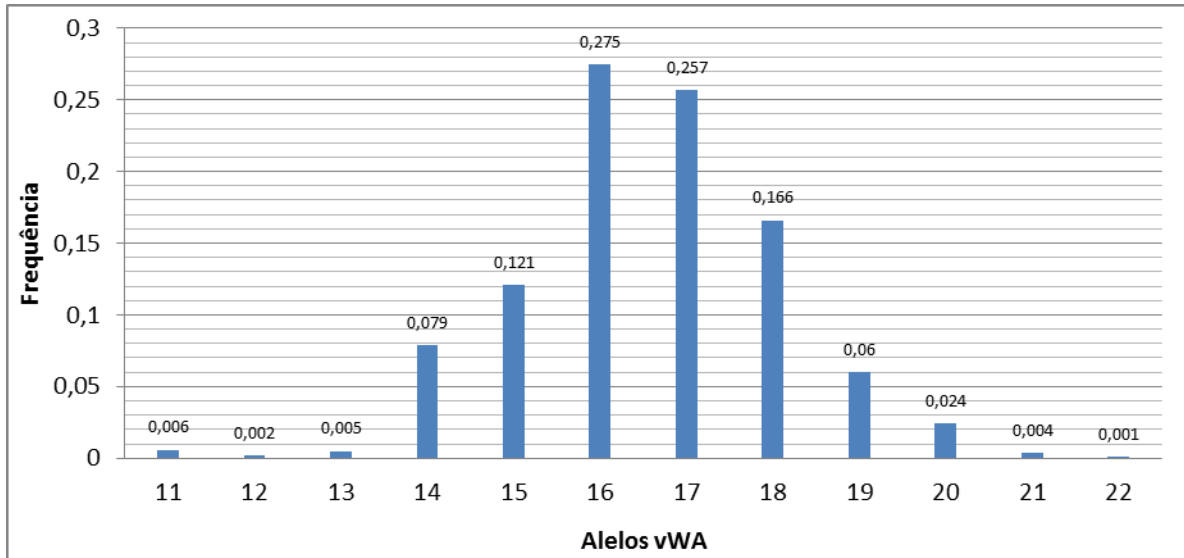
5.2.8 vWA

O marcador vWA é um STR localizado no braço curto do cromossomo 12 apresenta as repetições de bases tetranucleotídicas (TCTA)_n e está associado ao gene

do fator Von Willebrand, da coagulação humana responsável pela hemostasia primária (NIST, 2013).

Para o microssatélite vWA foram observados alelos que se estenderam do 11 ao 22, sendo o mais frequente o 16, seguido pelo 17 e o alelo mais raro foi o 22, com frequência alélica de 0,001.

Gráfico 8. Distribuição das frequências alélicas do marcador vWA.



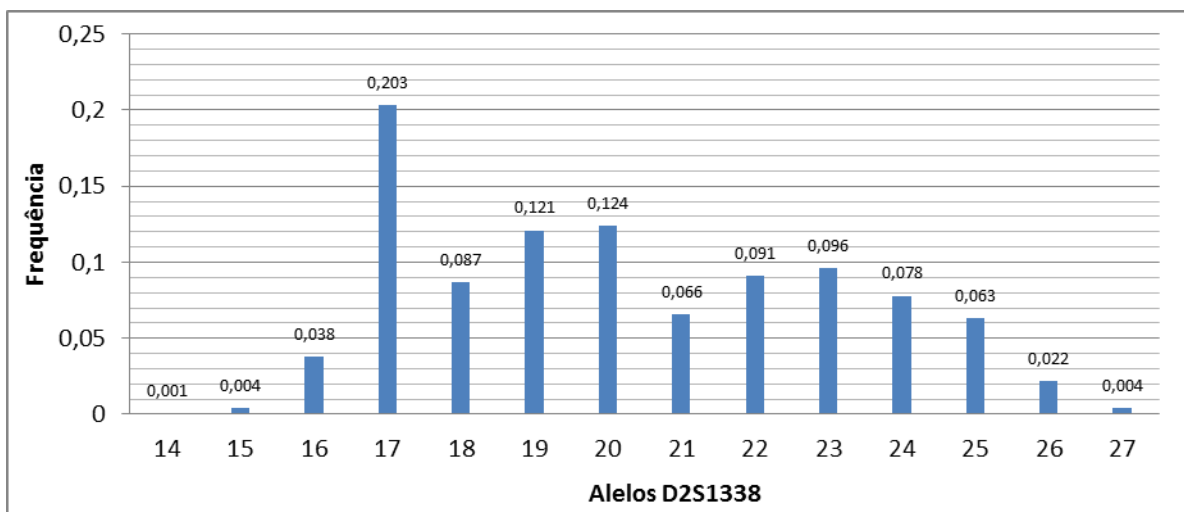
No *locus* vWA, o alelo 16 apresentou a maior frequência (0,275), e o 17 o segundo mais frequente (0,257) assim como em estudos em Indígenas da Amazônia Brasileira (Terenas) (MANTA *et al.*, 2012b); nas populações do Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); em mulatos e descendentes asiáticos em São Paulo (BYLLOWSKI *et al.*, 2003); Tibetanos de Changdu na China (LONGLI *et al.*, 2007), em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2011); no Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011) e no México (LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005). O inverso ocorreu, ou seja, o 17 foi o mais frequente seguido do alelo 16 nas seguintes populações: descendentes de africanos e asiáticos em São Paulo (BYLLOWSKI *et al.*, 2003), Itália (BRISIGHELLI *et al.*, 2009), Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010), Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009), Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011), Tibetanos de Naqu na China (LONGLI *et al.*, 2007) e no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012). No Leste da Malásia o alelo 18 foi o mais observado com 0,296.

5.2.9 D2S1338

O marcador D2S1338 está localizado no braço longo do cromossomo 2 está constituído pelas repetições dos tetranucleotídeos compostos (TGCC) $_n$ e (TTCC) $_n$. Não está associado ainda a uma codificação gênica específica (NIST, 2013).

Para o microssatélite D2S1338 foram observados alelos que se estenderam do 14 ao 27, sendo o 17 o mais frequente e o de menor frequência (0,001) foi o alelo 14.

Gráfico 9. Distribuição das frequências alélicas do marcador D2S1338.



Para o marcador genético D2S1338, o alelo 17 foi o mais frequente (0,203), assim como em estudos no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007; GAIBAR *et al.*, 2010); no Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009) e no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012).

O alelo 20, segundo em frequência observada (0,124), foi frequente também em segundo lugar no Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009) e na Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007; GAIBAR *et al.*, 2010). Não sendo tão freqüente no México (LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005); Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); São Paulo (FRIDMAN *et al.*, 2008); e no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012).

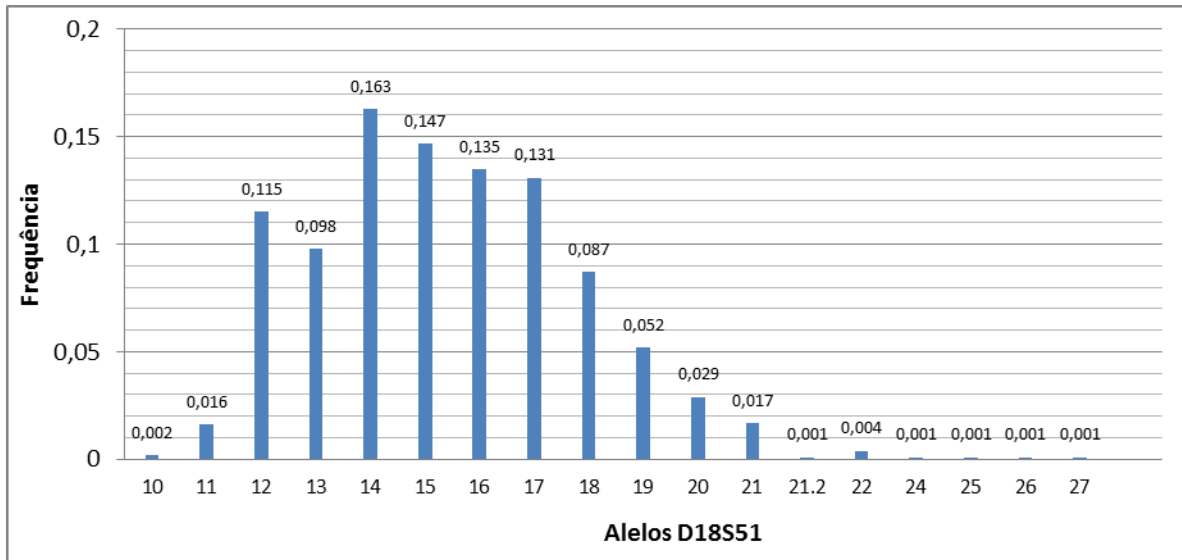
Vale frisar que o alelo 19 também foi frequente no México (2005); Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); em Tibetanos de Changdu na China (LONGLI, 2007); em Quinhai na China (DENG *et al.*, 2011) e Rio de Janeiro (ARANHA, 2012).

5.2.10 D18S51

O marcador D18S51 é um STR localizado no braço longo do cromossomo 18 (NIST, 2013) apresenta as repetições de bases tetranucleotídicas (AGAA)_n. Os microvariantes x.2 são originados pela inserção de dois pares de base, na região flanqueadora 3'.

Para o microssatélite D18S51 foram observados alelos que se estenderam do alelo 10 ao 27. Os alelos mais frequentes foram 14 e o 15, os alelos mais raros são; 21.2, 24, 25, 26 e 27 com frequência alélica de 0,001.

Gráfico 10. Distribuição das frequências alélicas do marcador D18S51.



No *locus* D18S51, o alelo 14 foi o de maior frequência (0,163). Dentre as populações comparadas, este alelo apresentou maior frequência também no México (LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005); no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); Itália (BRISIGHELLI *et al.*, 2009); no Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009); em Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011); em indígenas da Amazônia brasileira (Terenas) (MANTA *et al.*, 2012b), e a segunda maior frequência apenas na Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007), Macapá (FRANCEZ, 2011) e no Leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011).

O segundo mais frequente na Paraíba para este marcador foi o alelo 15 (0,147), também amplamente observado em estudos no Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009); no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); no Macapá (FRANCEZ, 2011);

em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013). Este mesmo alelo foi o de maior frequência no Leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011) e no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012).

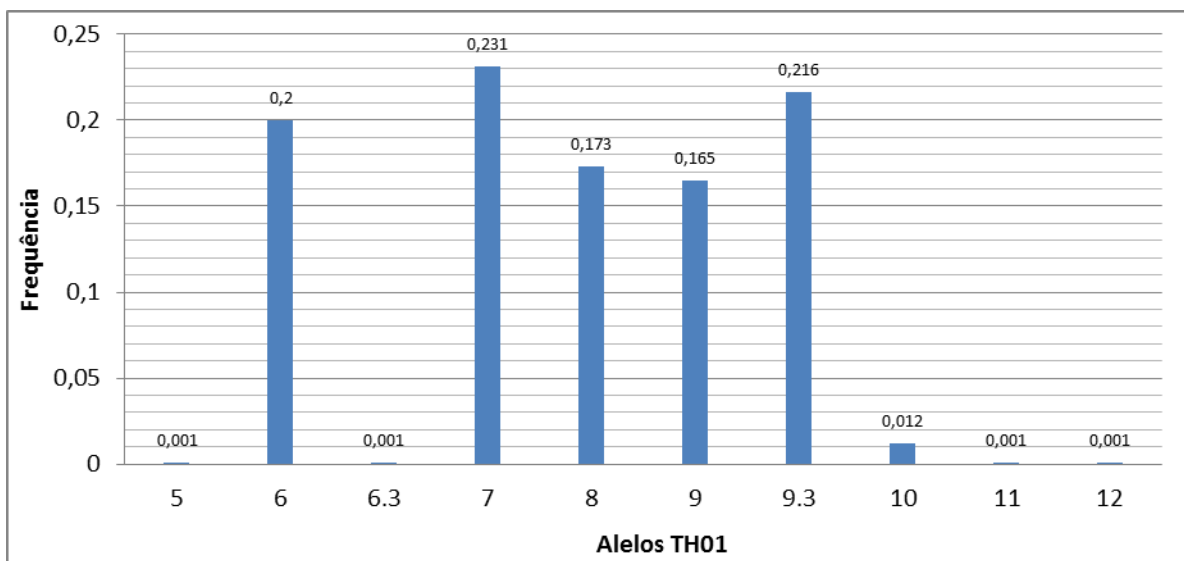
O alelo 16 também teve alta incidência em algumas populações estudadas como no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011); no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012) e em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013).

5.2.11 TH01

O marcador TH01 é um STR autossômico localizado no íntron 1 do gene da tirosina hidroxilase, no braço curto do cromossomo 11 e apresenta as repetições de bases tetranucleotídicas (AATG)_n (NIST, 2013).

Para o microssatélite TH01 foram observados alelos que se estenderam do 5 ao 12. O alelo mais frequente foi o 7 com frequência de 0,231, e os alelos mais raros foram 5, 6.3, 11 e 12 com frequência de 0,001.

Gráfico 11. Distribuição das frequências alélicas do marcador TH01.



O alelo 7 foi o de maior frequência (0,231) para o *locus* TH01. Este alelo também foi o de maior ocorrência em algumas populações estudadas anteriormente como em descendentes de asiáticos, de africanos e em mulatos de São Paulo (BYDLOWSKI *et al.*, 2003); de Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); do México (LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005); Brasil (AGUIAR *et al.*, 2011); Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011); no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011); no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012); em Indígenas da Amazônia Brasileira (Terenas) (MANTA *et al.*,

2012b); em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013) e o segundo mais frequente em Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011) e no Leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011).

A segunda maior ocorrência apresentada para este marcador no estudo realizado foi o alelo 9.3 (frequência de 0,216) coincidentemente com Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010); Brasil (AGUIAR, 2011) e Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011) e no Centro de Portugal foi o mais incidente (LOPES *et al.*, 2009).

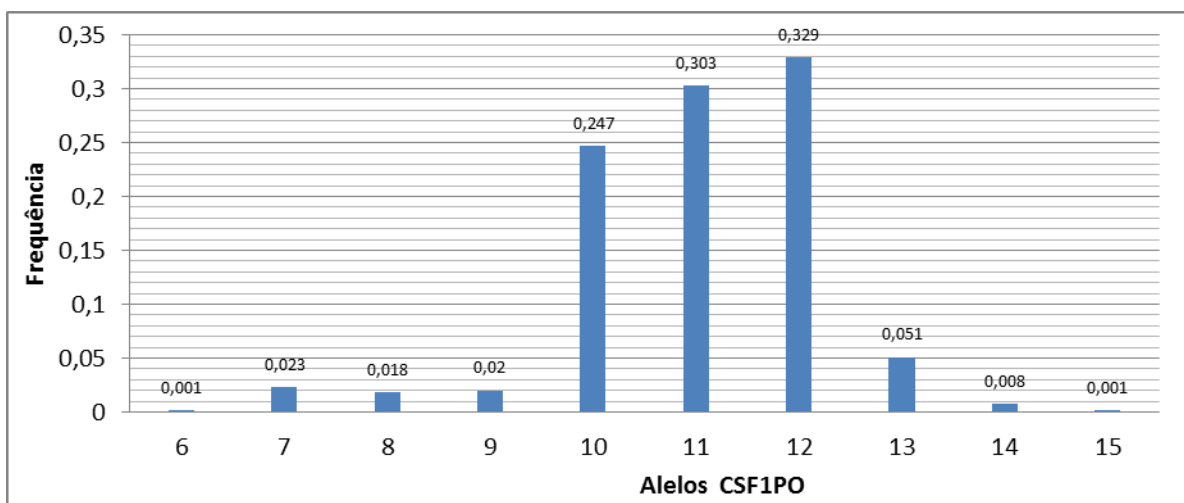
Um dado a ser considerado é que o alelo 9 para este *locus* mostrou-se amplamente distribuído como constatado nos trabalhos de Naqu e Changdu na China (LONGLI *et al.*, 2007); Itália (BRISIGHELLI *et al.*, 2009); Sul da Espanha (GAIBAR *et al.*, 2010); Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011); Leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011) e Rio de Janeiro (ARANHA, 2012). No presente trabalho a sua frequência foi de 0,165.

5.2.12 CSF1PO

O marcador CSF1PO encontra-se no sexto íntron do proto-oncogene *c-fms*, localizado no braço longo do cromossomo 5 e apresenta as repetições de bases tetranucleotídicas (AGAT)_n (NIST, 2013).

Para o microsatélite CSF1PO foram observados alelos que se estenderam do 6 ao 15, sendo que o alelo mais frequente foi o 12, seguido pelo 11 e os alelos mais raros foram 6 e 15 com frequência de 0,001.

Gráfico 12. Distribuição das frequências alélicas do marcador CSF1PO.



A comparação dos dados obtidos para o marcador CSF1PO com as frequências de diversas localidades permitiu constatar que os alelos 12 e 11 foram nesta ordem, os de maiores frequências (0,329 e 0,303 respectivamente) na população da Paraíba e nas localidades comparadas como em descendentes de africanos em São Paulo (BYDLOWSKI *et al.*, 2003); no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); na Itália (BRISIGHELLI *et al.*, 2009); Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011); em Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011); no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012) e em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013). Em estudos anteriores no Brasil também foram observados igualmente como a Paraíba (GRATTAPAGLIA *et al.*, 2001; AGUIAR *et al.*, 2011).

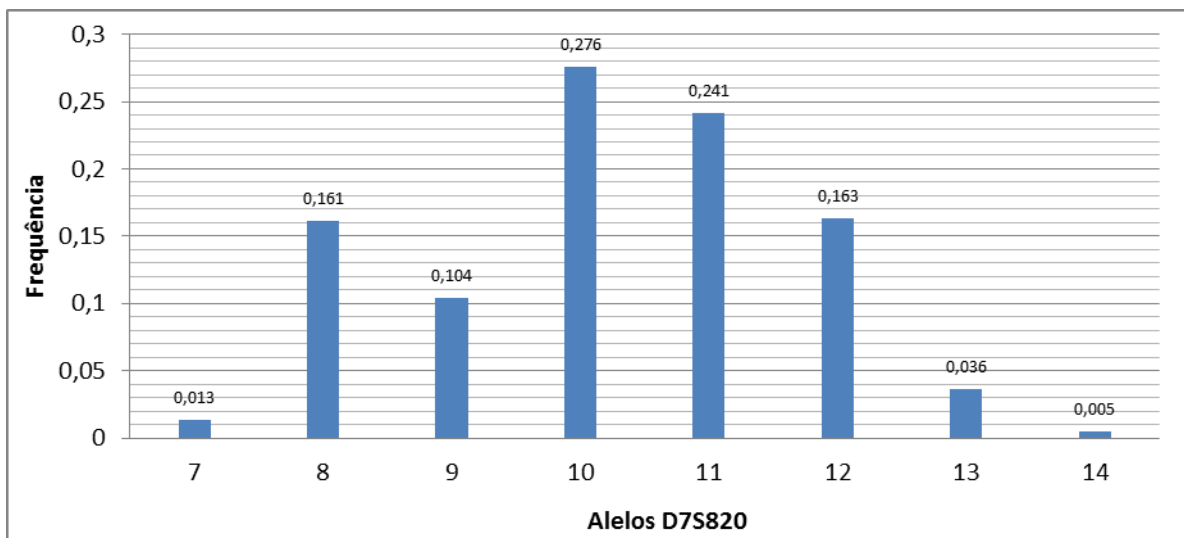
Em ordem inversa, o alelo 11 foi o mais observado seguido do alelo 12 nos estudos populacionais da Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007), do Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009) e Leste da Malásia (KEE *et al.*, 2011).

5.2.13 D7S820

O marcador D7S820 é um STR localizado no braço longo do cromossomo 7 apresenta as repetições de bases tetranucleotídicas (GATA) n e não está associado ainda a uma codificação gênica específica (NIST, 2013).

Para o microssatélite D7S820 foram observados alelos que se estenderam do alelo 7 ao 14, sendo o mais frequente o 10, seguido pelo 11 e o alelo mais raro o 14.

Gráfico 13. Distribuição das frequências alélicas do marcador D7S820.



Para o marcador genético D7S820, o alelo 10 apresentou a maior frequência (0,276), assim como no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); na Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007); na Itália (ANDREINI *et al.*, 2007; BRISIGHELLI *et al.*, 2009); no Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009); em Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011); no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011); no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012) e em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013).

Seguido do 10, o alelo 11 apresentou frequência de 0,241, também observado com esta ordem de frequência (segunda) nas populações do Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); da Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007); da Itália (ANDREINI *et al.*, 2007; BRISIGHELLI *et al.*, 2009); do Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009); do Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011); do Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011); do Rio de Janeiro (ARANHA, 2012) e Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013). Em alguns estudos o alelo 11 foi o mais frequente (LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005; LONGILI *et al.*, 2007; GAIBAR *et al.*, 2010; DENG *et al.*, 2011; MANTA *et al.*, 2012b;).

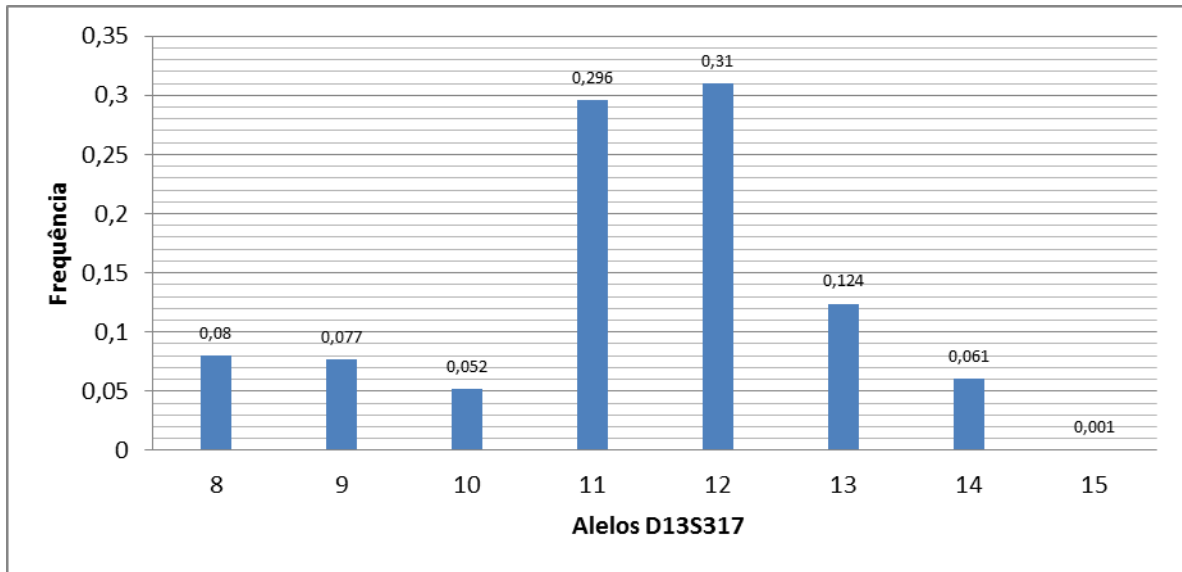
Em estudos anteriores no Brasil também foram observados igualmente como a Paraíba (GRATTAPAGLIA *et al.*, 2001; AGUIAR *et al.*, 2011) 10 e 11 mais incidentes para o locus D7S820.

5.2.14 D13S317

O marcador D13S317 é um STR localizado no braço longo do cromossomo 13 apresenta as repetições do tetranucleotídeo simples (TATC)_n e não está associado a nenhuma região codificante (NIST, 2013).

Para o microssatélite D13S317 foram observados alelos que se estenderam do alelo 8 ao alelo 15, sendo o mais frequente o 12, e o alelo mais raro o 15.

Gráfico 14. Distribuição das frequências alélicas do marcador D13S317.



Na população paraibana destacou-se o alelo 12 no locus D13S317 com frequência de 0,310. Ele também foi o mais destacado em descendentes de africanos e europeus em São Paulo (BYDLOWSKI *et al.*, 2003); no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); na Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007); no Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011); no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011) e no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012). Em outros estudos demonstrou alta frequência, porém em segundo lugar como no Brasil (GRATTAPAGLIA *et al.*, 2001; AGUIAR *et al.*, 2011); no México (LUNAVAZQUEZ *et al.*, 2005); na Itália (ANDREINI *et al.*, 2007; BRISIGHELLI *et al.*, 2009; LOPES *et al.*, 2009); em São Paulo (FRIDMAN *et al.*, 2008) e em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013).

Para este mesmo marcador o segundo alelo mais frequente foi o 11 coincidentemente também em descendentes de africanos e europeus em São Paulo (BYDLOWSKI *et al.*, 2003); no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO, 2009); na Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007); no Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011); no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011); em Quinghai na China (DENG *et al.*, 2011) e no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012). Sendo o primeiro em São Paulo (FRIDMAN *et al.*, 2008); Itália (BRISIGHELLI *et al.*, 2009); Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009) e Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013).

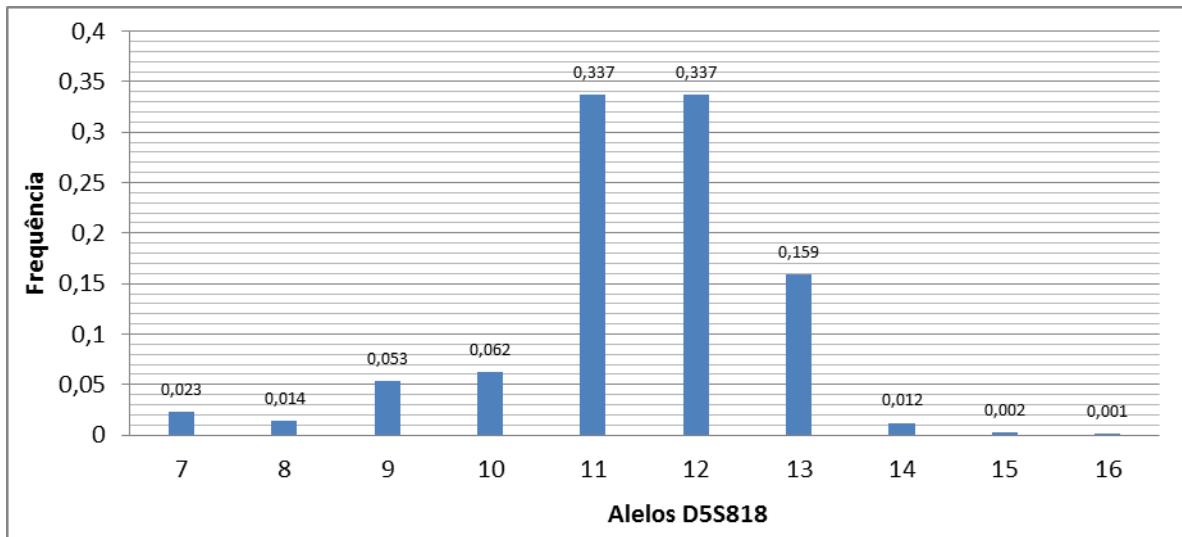
O microvariante 10.2, o de maior frequência em Indígenas da Amazônia Brasileira (Terenas) (MANTA *et al.*, 2012b), não foi detectado no presente estudo.

5.2.15 D5S818

O marcador D5S818 é um STR localizado no braço longo do cromossomo 5 apresenta as repetições tetranucleotídicas (AGAT) n e não está associado ainda a uma codificação gênica específica. Costuma ser amplificado nos *Kits* Multiplex usados em Genética Forense onde as amostras muitas vezes possuem DNA degradado, pois é um dos menores marcadores conhecidos (BUTLLER, 2007; NIST, 2013).

Para o microssatélite D5S818 foram observados alelos que se estenderam do alelo 7 ao alelo 16, sendo os mais frequentes os alelos 11 e 12 e o alelo mais raro foi o 16.

Gráfico 15. Distribuição das frequências alélicas do marcador D5S818.



No *locus* D5S818 os alelos mais observados foram 11 e 12 (igualmente 0,337), seguidos do alelo 13 (0,159). Os alelos 11 e 12, nesta ordem, também foram observados como os mais frequentes em vários trabalhos como o realizado no México (LUNA-VAZQUEZ *et al.*, 2005); em Naqu no Tibete (LONGLI *et al.*, 2007) no Mato Grosso do Sul (FIGUEIREDO., 2009); em Qinghai na China (DENG *et al.*, 2011) e no Macapá (FRANCEZ *et al.*, 2011). Entretanto no Espírito Santo (SILVA *et al.*, 2011); no Rio de Janeiro (ARANHA, 2012), em Goiás (VIEIRA *et al.*, 2013) e em outras partes da Europa como na Itália (BRISIGHELLI *et al.*, 2009); Centro de Portugal (LOPES *et al.*, 2009); Espanha (CAMACHO *et al.*, 2007; GAIBAR *et al.*, 2010) os estudos demonstraram que os alelos mais frequentes foram o alelo 12 e o alelo 11 respectivamente.

6 CONCLUSÃO

Conclui-se, na população paraibana o maior contribuinte étnico foi o europeu, o que está em concordância com o início da colonização deste Estado.

Os marcadores D7S820, D13S317 e TPOX, apresentaram o menor número de alelos. O de maior número de alelos e, portanto o mais polimórfico foi o D2S11, seguido do FGA.

O alelo mais incidente de todos os 15 *locus* estudados foi o alelo 8 do TPOX com frequência 0,405, observou-se também para este marcador o menor Poder de Discriminação, com 87,9%, menor Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC). Por outro lado, os *loci* com maior Poder de Discriminação são o D2S1338 (97,6%), D18S51 (97,3%) e o FGA (96,9%). Ainda em relação aos parâmetros forenses o marcador FGA foi o locus com maior Poder de Exclusão (74,5%) e maior Índice Típico de Paternidade (4,007).

Todos os *loci* estudados na população paraibana tiveram seu valor de Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) superior a 0,5, sendo, portanto considerados muito informativos.

O teste para o cálculo do Equilíbrio de Hardy-Weinberg demonstrou que os marcadores genéticos estudados não apresentaram desvio significativo em relação ao equilíbrio, ou seja, que o fluxo gênico existente não é capaz de alterar a composição alélica desta população nas gerações seguintes. Isto comprova que não há excessos de homozigotos na amostra, nem consangüinidade além da perfeita independência dos alelos testados nos *loci* estudados na população paraibana.

A comparação das frequências alélicas, dos 15 marcadores genéticos estudados, permitiu observar que, de forma geral, os alelos frequentemente observados na população estudada (Paraíba, Brasil) apresentaram ampla distribuição em diversas populações nacionais e mundiais.

Por fim constatou-se que devido ao grande polimorfismo e ao alto índice de conteúdo informativo apresentados, é útil o uso das frequências demonstradas na prática forense seja para determinação de vínculos biológicos, identificação humana

entre outros, na medida em que a determinação das frequências regionais da própria população possibilita um resultado estatístico mais significativo por traduzir melhor a realidade da composição genética.

REFERÊNCIAS

AGUIAR, Vitor Rezende da Costa; WOLFGRAMM, Ede V.; MALTA, F.S.; BOSQUE, A.G.; MAFIA ADE, C.; ALMEIDA, V.C.; CAXITO, F.A.; PARDINI, V.C.; FERREIRA, A.C.; LOURO, I.D. Updated Brazilian STR allele frequency data using over 100,000 individuals: an analysis of CSF1PO, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, Penta D, Penta E, TH01, TPOX, and vWA. **Forensic Science Internacional: Genetics**, v.6, n.4, p.504-509, jul. 2011.

ANDREINI, Emanuela; FRISON, Sara; LONGHI, Elena; TORELLI, Rosanna; DE FAZIO, Nicola; POLI, Francesca. Allele frequencies for nine STR loci (D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317, D7S820) in the Italian population. **Forensic Science Internacional**, v.168, p.e13– e16, 2007.

ARANHA, Tatiana Hessab de Castro. **Frequências alélicas, parâmetros estatísticos de natureza forense e caracterização étnica da população do Rio de Janeiro, através de polimorfismos do tipo STR**. 2012. 91f. Tese (Mestrado em Biologia Celular e Molecular) - Instituto Oswaldo Cruz, Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular. Rio de Janeiro, 2012.

AZEVEDO, Dalmo Almeida. **Distribuição do polimorfismo de 15 microssatélites do cromossomo y na população do estado de Alagoas, nordeste Brasil**. 2006. f.126. Tese (Mestrado em Genética) - Universidade Federal de Pernambuco –UFPE, Recife, 2006.

BÄR, W, BRINKMANN, B, BUDOWLE, B, CARRACEDO, A, GILL, P, LINCOLN, P, MAYR, B, OLAISEN, B. DNA recommendations. Further report of the DNA commission of the ISFH regarding the use of short tandem repeat systems, International Society for Forensic Haemogenetics, **International Journal of Legal Medicine**, v. 110, p.175–176, 1997.

BARCELOS, Rejane da Silva Sena. **Contribuição Genética de populações urbanas da região Centro-Oeste brasileira estimada por marcadores uniparentais**. 2006. 170f. Tese (Doutorado em Biologia Animal) – Universidade de Brasília- UnB. Brasília, 2006.

BONACCORSO, Norma Sueli. **Aspectos técnicos, éticos e jurídicos relacionados com a criação de banco de dados criminais de DNA no Brasil**. 2010. 262f. Tese (Doutorado em Direito Penal) - Universidade de São Paulo – USP, São Paulo, 2010.

BRISIGHELLI, F.; CAPELLI, C.; BOSCHI, I.; GARAGNANI, P.; LAREU, M. V.; PASCALI, V. L.; CARRECEDO, A. Allele frequencies of fifteen STRs in a representative sample of the Italian population. **Forensic Science Internacional: Genetics**, v.3, n.2, p.e29-e30, 2009.

BUDOWLE, Bruce, BROWN, B.L. The use of DNA typing for forensic identification. **Forensic**, v.1, p.23-37, 2001.

AL-ENIZI, Mohammad; ISMAEL, S.; AL-ENEZI, H.; AL-AWADHI, A.; AL-DUAIL, W.; AL-SALEH, B.; GHULLOOM, Z.; BUDOWLE, Bruce; Population genetic analyses of 15 STR loci from seven forensically-relevant populations residing in the state of Kuwait. **Forensic Science Internacional: Genetics**, v.7, N.4, p.106-e107, jul. 2013.

BUTLER, John M. Short tandem repeat typing technologies used in human identity testing. **BioTechniques**, v.43, n.4, p.200-205, out. 2007.

BUTLER, John M. **Forensic DNA typing: biology, technology, and genetics of STR markers**. Oxford: Elsevier, 2005.

BYDLOWSKI, Sérgio Paulo; MOURA-NETO, Rodrigo Soares; SOARES, Rosângela P. S.; SILVA, Rosane.; DEBES-BRAVO, Adriana A.; MORGANTI, Luciana. Genetic data on 12 STRs (F13A01, F13B, FESFPS, LPL, CSF1PO, TPOX, TH01, vWA, D16S539, D7S820, D13S317, D5S818) from four ethnic groups of São Paulo, Brazil. **Forensic Science Internacional**, v.135, n.1, p. 67-71, jul. 2003.

CAMACHO, Manuel V.; BENITO, César; FIGUEIRAS, Ana Maria. Allelic frequencies of the q5 STR loci included in the AmpFISTR® Identifiler™ PCR amplification kit in an autochthonous sample from Spain. **Forensic Science Internacional**, v.173, n.2-3, p.241-245, dez. 2007.

CHAKRABORTY, Ranajit. Sample size requirements for addressing the population genetic issues of forensic use of DNA typing. **Human Biology**, v. 64, n. 2, p. 141-159, abr. 1992.

DENG, Ya-ju; ZHU, Bo-feng; SHEN, Chun-mei; WANG, Hong-dan; HUANG, Jing-feng; LI, Yuan-zhe; QIN, Hai-xia; MU, Hao-fang; SU, Jie; WU, Jie; ZHANG, Bo; FAN, Shuan-liang. Genetic polymorphism analysis of 15 STR loci in Chinese Hui ethnic group residing in Qinghai province of China. **Molecular Biology Reports**, v. 38, n.4, p.2315-2322, abr. 2011.

DOLINSKY, Luciana Cresta; FIGUEIREDO, Lissiane Miranda Campelo Veras. DNA forense. **Saúde & Ambiente em Revista: Universidade UNIGRANRIO, Duque de Caxias**, v. 2, n. 2, p.11-22, jul./dez. 2007.

EXCOFFIER, Laurent; LISCHER, Heidi. **Arlequin ver. 3.5: an integrated software package for population genetics data analysis**. 2009. Disponível em: <<http://www.cmpg.unibe.ch/software/arlequin35-old/Arlequin35.pdf>> Acesso em: 09 dez. 2013.

FAN, Hao; CHU, Jia-You. A brief review of short tandem repeat mutation. **Genomics Proteomics Bioinformatics**, v.5, n.1, p.7-14, 2007.

FEDERAL BUREAU OF INVESTIGATION. **CODIS** (Combined DNA Index System). Disponível em: <http://www.fbi.gov/hq/lab/codis/index1.htm>. Acesso em: 22 jun. 2013.

FERREIRA, Lindomar Valentin. **Estimativa das frequências alélicas dos 15 marcadores autossômicos STR CODIS da população goianiense do Brasil central**. 2011. 86f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Pontífice Universidade Católica de Goiás - PUC, Goiânia, 2011.

FIGUEIREDO, Helder FIGUEIREDO. **Avaliação das frequências alélicas de 15 marcadores STRs na população de pessoas nascidas no estado de Mato Grosso do Sul**. 2009. 53f. Tese (Mestrado em Biotecnologia) - Universidade Católica João Bosco. Campo Grande/PB, 2009.

FRANÇA, Genival Veloso de. **Medicina legal**. 9. ed., Rio de Janeiro: Guanabara-Kogan, 2001.

FRANCEZ, P.V.A.; RODRIGUES E. M.; FRAZÃO, G. F.; BORGES, N. D.; SANTOS, S. E. B. Alelic frequencies and statistical data obtained form 12 codis STR in an admixed population of the Brazilian Amazon. **Genetic Molecular Biology**, v.34, n.1, p.35-39, 2011.

FRIDMAN, Cintia, SANTOS, Paulo César Costa, KOHLER, Priscila, GARCIA, Claudia Figaro, LOPEZ, Luis Fernandes, MASSAD, Eduardo, GATTÁS, Gilka Jorge Fígaro. Brazilian population profile of 15 STR markers. **Forensic Science Internacional: Genetics**, v.2, p. e1-e4, 2008.

FRUMKIN, Dan; WASSERSTROM, Adam; DAVIDSON, Ariane; GRAFIT, Arnon. Authentication of forensic DNA samples. **Forensic Science Internacional: Genetics**, v. 4, n.2, p.95-103, fev. 2010.

GAIBAR, M.; ESTEBAN, E.; MORAL, P.; GÓMEZ-GALLEGO, F.; SANTIAGO, C.; BANDRÉS, F.; LUNA, F.; FERNÁNDEZ-SANTANDER, F. STR genetic diversity in a Mediterranean population from the south of the Iberian Peninsula. **Annals of Human Biology**, v.37, n.2, p.253-266, abr. 2010.

GASTALDO, André Zoratto. **Frequência Alélica de sete marcadores *short tandem repeatem* indivíduos do Estado do Rio Grande do Sul, Brasil**. Dissertação (Mestrado) - Pontífice Universidade Católica do Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2012.

GATTÁS, Gilka Jorge Fígaro; FIGARO-GARCIA, C. **Caminho de volta: tecnologia na busca de crianças e adolescentes desaparecidos no Estado de São Paulo**. São Paulo: Secretaria Especial de Direitos Humanos, 2007.

GIUSTINA, Ana Carolina Bernardi Della. **Utilização de ondas sônicas e ultra-sônicas na obtenção de DNA em amostras de músculo humano**. 2009. 88f. Tese (Mestrado em Ciências Biológicas) - Universidade Federal de Pernambuco-UFPE, Recife, 2009.

GOMES, Adriana Vieira, SILVA, Luiz Maurício, RAPOSO, Glória, VIEIRA, Jeymesson Raphael Cardoso, SILVA, Rosilda dos Santos. 13 STR frequencies in the population from Paraíba, Northeast Brazil. **Forensic Science Internacional Genetics**, v.173, p.231-234, 2007.

GRATTAPAGLIA, D.; SCHMIDT, A. B.; SILVA, C. Costa; STRINGHER, C.; FERNANDES, A. B.; FERREIRA, M. E. Brazilian population database for 13 STR loci of AmpFISTR®, Profiler Plus™ and Cofiler™ multiplex kits. **Forensic Science Internacional**, v.118, n.1, p.91-94, abr.2001.

GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R.; LEWONTIN, R. C.; CARROLL, S. B. **Introdução a Genética**. Tradução de P. A. Motta. 9. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2009.

HARES, D.R. Expanding the CODIS core in the United States. **Forensic Science International Genetics**, v.6, n.1, p.52-54, 2012.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA ESTATÍSTICA – IBGE. **Censo 2010**. Disponível em: <[HTTP://censo2010ibge.gov.br](http://censo2010ibge.gov.br)> Acesso em: 09 dez. 2013.

INSTITUTO NACIONAL DE PADRÕES E TECNOLOGIA - NIST. Disponível em: <<http://www.nist.gov/>> Acesso em: 02 maio 2013.

JACQUES, Guilherme. Banco de perfis genéticos: a ciência em prol da justiça. **Revista Jurídica Consulex**, v.XVII, n.389, p.25-27, abr. 2013.

JAIN, Shalu; PANIGRAHI, Inusha; SHETH, Jayesh; AGARWAL, Sarita. STR markers for detecting heterogeneity in Indian population. **Molecular Biology Reports**, v.39, p.461-465, 2012.

JEFFREYS, A. Genetic fingerprinting. **Nature Medicine**, v.11, n.10, p.XIV-XVIII, out., 2005.

JEFFREYS Alec J.; WILSON, Victoria; THEIN, SweelayThein. Hypervariable ‘minisatellite’ regions in human DNA. **Nature**, v. 314, p. 67-73, mar. 1985a.’

JEFFREYS Alec J.; WILSON, Victoria; THEIN, SweelayThein. Individual-specific ‘fingerprints’ of human DNA. **Nature**, v. 316, p. 76-79, 1985b.

JOBIM, L. F.; COSTA, L. R.; DA SILVA, M. **Identificação humana: identificação pelo DNA, identificação médico-legal e perícias odontológicas (tratado de perícias criminalísticas)**. Vol II. Campinas-SP: Millenium, 2006.

KEE, B. P.; LIAN, L.H.; LEE, P.C.; LAI, T.X.; CHUA, K.H. **Genetic data for 15 STR loci in a Kadazan-Dunsun population from East Malaysian. Genetic and Molecular Research**, v.10, n.2, p.739-743, abr. 2011.

KOCH, Analara; ANDRADE, Fabiana Michelsen. A utilização de técnicas de biologia molecular na genética forense: uma revisão. **Revista Brasileira de Análises Clínicas**, Novo Hamburgo, v.40, n.1, p.17-23, 2008.

LEITE, Fábio. DNA forense: exames de DNA humano. In: TOCHETTO, D. (Coord.). **Criminalística: procedimentos e metodologias**. Porto Alegre: Cleuza dos Santos Novakc, 2005. Capítulo XIII, p. 242-243.

LEWIS, P. O.; ZAYKIN, D. **GDA - Genetic Data Analysis: version 1.1 for Windows 95/NT**. (2002). Disponível em: <<http://www.eeb.uconn.edu/people/plewis/software.php>> Acesso em: 09 dez. 2013.

LONGLI, Kang; DONGYA, Yuan, FENGYING, Yang, KAI, Liu, XI, ZA. Genetic Polymorphism from Tibet Changdu and Naqu, China. **Forensic Science Internacional**, v.169, p.239-243, 2007.

LOPES, V.; SERRA, A.; GAMERO, J.; SAMPAIO, L.; BALSAS, F.; OLIVEIRA, C.; BATISTA, L.; CORTE-REAL, F.; VIEIRA, D. N.; VIDE, M. C.; ANJOS, M. J.; CARVALHO, M. Allelic frequency distribution of 17 STRs from Identifiler and PowerPlex-16 in Central Portugal area and the Azores archipelago. **Forensic Science International: Genetics**, v.4, n.1, p.1-7, dez. 2009.

LORENTE, J.A., *et al.* Nuevas aplicaciones en identificación genética. **Cuadernos de Medicina Forense**, v.16, n.1-2, p.5-18, 2010.

LORENTE ACOSTA, J.A.A. Identificación genética criminal importancia médico legal de las bases de datos de ADN. In: CASABONA, C.M.R. (Ed.). **Bases de datos de perfiles de ADN y criminalidad**. Bilbao-Granada: Comares, 2002, p.1-25.

LUNA-VAZQUEZ, A.; VILCHIS-DORANTES, G.; AGUILAR-RUIZ, A.; BAUTISTA-RIVAS, A.; ROJO-NAVA, A. L.; RIOS-BARRIOS, E.; VILLALOBOS-RANGEL, H. Population data for 15 (Identifiler® Kit) in a sample from the Valley of Mexico. **Legal Medicine**, v.7, p.331-333, 2005.

MAGALHÃES, Ítalo Moraes; SILVA, Daniela de Melo e. Informações acerca de marcadores moleculares uniparentais: DNA mitocondrial e cromossomo Y. **Estudos de Biologia**, v.28, n.63, p.81-88, abr/jun. 2006.

MANTA, F. S. N., SILVA, D. A., SÁNCHEZ-DIZ, P., AGUIAR, J. I. A. CABELLO, P. H, CARVALHO, E. F. Terena amerindian group autosomal STR data: comparison studies with other Brazilian populations. **Molecular Biology Reports**, v.39, n.4, p.4455-4459, abr. 2012b.

MANTA, Fernanda, CAIAFA, Alexandre, FIGUEIREDO, Rui, SILVA, Dayse, AMORIM, António, CARVALHO, Elizeu F., GUSMÃO, Leonor. Indel markers: genetic diversity of 38 polymorphisms in Brazilian populations and application in a paternity investigation with post mortem material. **Forensic Science Internacional Genetics**, v.6, p.658-661, jan. 2012a.

MARTINS, Joyce Aparecida. **Estudo de frequências alélicas de STRs do cromossomo X na população brasileira de Araraquara**. 2008. 122f. Tese (Mestrado em Biologia Molecular) – Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho – UNESP, Araraquara/SP, 2008.

MENEZES, Marcos Paulo Carrera. **Variabilidade e relações genéticas entre raças caprinas nativas brasileiras, ibéricas e canárias**. 2005. 111f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal da Paraíba, Areia/PB, 2005.

MORETTI, Tiago. **Identificação humana: uma proposta metodológica para obtenção de DNA de ossos e implementação de banco de dados de frequências alélicas de STRs autossômicos na população de Santa Catarina**. 2009. 145f. Tese (Mestrado em Biotecnologia) - Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC, Florianópolis, 2009.

MORONI, Rossana; GASBARRA, Dario; ARJAS, Elja; LUKKA, Matti; ULMANEN, Ismo. Effects of reference population and number of STR markers on positive evidence in paternity testing. **Journal of Forensic Research**, v.2, n.2, p.3-5, 2011.

NAKAMURA, Y. DNA variations in human and medical genetics: 25 years of my experience. **Journal of Human Genetics**, v.54, n.1, p.1-8, jan. 2009.

PAULA, Karla Angélica Alves de. **Análise molecular com Y-STRSem amostras biológicas sem espermatozóides coletadas de vítimas de estupro**. 2012. 78f. Tese (Mestrado em Biologia Molecular) – Universidade Católica de Brasília – UCB, Brasília, 2012.

PEDROSA, Maria Angélica Floriano. **Composição genética de quatro populações remanescentes do Brasil com base em microssatélites e marcadores de ancestralidade**. 2006.129f. Dissertação (Mestrado em Biologia Molecular) – Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília – UNB, Brasília, 2006.

POIARES, Lilian de Assis; OSÓRIO, Paulo de Sá; SPANHOL, Fábio Alexandre; COTRE, Sidnei César; RODENBUSH, Rodrigo; CASTELO BRANCO, Claudia; PACHECO, Paula R.; MOTA-VIEIRA, Luisa; LARGURA, Alvaro; SANDRINI, Fabiano; SILVA, Claudia Maria Dornelles. 15 STR locifrequencies in the population from Paraná, Southern Brazil. **Forensic Science Internacional, - Genetics**, v.4, n.1, p.23-e24, dez. 2009.

RANGEL-VILLALOBOS, H. La prueba de paternidad com AND. **Revista Noticonaquic**, v.18, n.49, p.40-51, 2010.

RÊGO, G. E. Q. **Frequência alélica e dados populacionais de 17 marcadores STR do cromossomo Y da população paraibana.** 2013. 78f. Tese (Mestrado em Biologia Celular e Molecular) - Universidade Federal da Paraíba – UFPB, João Pessoa, 2013.

RODENBUSCH, Rodrigo. **Frequência e distribuição haplotípica de STR do cromossomo Y em indivíduos do Rio Grande do Sul.** 2008. f.62. Tese (Mestrado em Ciências Médicas) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRS, Porto Alegre, 2008.

SCHNEIDER, Peter M.; MARTIN, P. D. Criminal DNA databases: the European situation. **Forensic Science International**, v.119, n.2, p.232-238, jun. 2001.

SENS-ABUA'ZAR, C.; SANTOS, P. S. C.; BICALHO, M. G.; PETZL-ERLER, M. L.; SPERANDIO-ROXO, V. MHC microsatélites in a Southern Brazilian population. **International Journal of Immunogenetics**, v.36, p.269–274, 2009.

SANTOS, Sidney E.B. dos; RODRIGUES, Elzemar m. Ribeiro; SANTOS, Andrea K. C. Ribeiro dos; HUTZ, Mara H.; RODRIGUES, Luciana Tovo; SALZANO, Francisco M. JACQUES, M. Callecari. Autosomal STR analyses in native Amazonian tribes suggest a population structure driven by isolation by distance. **Human Biology.**, v.81, n.1, p.71-88, fev. 2009.

SILVA, Beatriz Candida; WOLFGRAMM, Eldamária de Vargas; AGUIAR, Vitor Resende da Costa; MALTA, Frederico Scott Varela; CASTRO, Amanda Mafia; FERREIRA, Alessandro Clayton de Souza; PAULA, Flavia; LOURO, Iúri Drumond. Genetic diversity and statistical parameters of 15 autosomal STR loci in the Pomeranian subpopulation of Espírito Santo State, Brazil. **Molecular Biology Reports**, v.38, n.5, p.3013-3016, jun. 2011.

SONG, Xing-bo; ZHOU, Yi; YING, Bin-wu; WANG, Lan-lan; LI, Yi-Song; LIU, Jian-Feng; BAI, Xiao-Gang; ZHANG, Lei; LU, Xiao-Jun; WANG, JUN, YE Yuan-xin. Short-tandem repeat analysis in seven Chinese regional populations. **Genetic and Molecular Biology**, v.33, n.4, p.605-609, 2010.

TEREBA, A. Tools for analysis of population statistics. **Profile in DNA**, v.2, n.3, p14-16, 1999.

VIEIRA, T. C., SILVA, D. M., GIGONZAC, M. A. D., FERREIRA, V. L., GONÇALVES, M. W. and CRUZ, A. D. Allelic frequencies and statistical data obtained from 15 STR in a population of the Goiás State. **Genetic and Molecular Research**, v.12, n.1, p.23-27, 2013.

WATSON, J. D. **DNA: o segredo da vida.** São Paulo: Companhia das Letras, 2005.

ANEXOS

**ANEXO I - CERTIFICADO DE APROVAÇÃO DO PROJETO PELO COMITÊ
DE ÉTICA EM PESQUISA COM HUMANOS.**

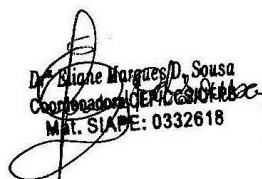


**UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA
CENTRO DE CIÊNCIAS DA SAÚDE
COMITÊ DE ÉTICA EM PESQUISA**

CERTIDÃO

Certifico que o Comitê de Ética em Pesquisa, do Centro de Ciências da Saúde da Universidade Federal da Paraíba – CEP/CCS aprovou por unanimidade na 11ª Reunião realizada no dia 27/11/2012, o projeto de pesquisa intitulado: “ESTUDO DE FREQUÊNCIAS ALÉLICAS DE STR’S NA POPULAÇÃO PARAIBANA”, da Pesquisadora Sarah Gurgel de Castro. Prot. nº 0424/12, CAAE: 07881712.1.0000.5188.

Outrossim, informo que a autorização para posterior publicação fica condicionada à apresentação do resumo do estudo proposto à apreciação do Comitê.


Dr. Eliane Marques D. Sousa
Coordenadora CEP/CCS
Mat. SIAPE: 0332618

**ANEXO II - TERMO DE INFORMAÇÃO E CONSENTIMENTO LIVRE E
ESCLARECIMENTO (TCLE) PARA PARTICIPAÇÃO EM PESQUISA
CIENTÍFICA.**

Prezado (a) Senhor (a),

Esta pesquisa é sobre a frequência alélica de marcadores STR's na população paraibana e está sendo desenvolvida por Sarah Gurgel de Castro, aluna da Pós Graduação em Biologia Celular e Molecular da Universidade Federal da Paraíba, sob a orientação do Prof. Dr. José Pinto de Siqueira Júnior.

O objetivo do estudo é estabelecer, em indivíduos da população paraibana, a frequência alélica de 15 marcadores STR's autossômicos, possibilitando futuros estudos comparativos com outras populações.

A finalidade deste trabalho é contribuir para alimentação de Bancos de dados de marcadores genéticos STR's Autossômicos, fortalecendo, assim, estimativas estatísticas dando maior robustez aos resultados dos exames de DNA.

A sua participação nesse estudo, assim, beneficiará toda comunidade científica da genética forense, que precisa de um banco de dados robusto para gerar exames de DNA bem embasados estatisticamente.

Solicitamos a sua colaboração para realização de coleta de swab bucal, como também sua autorização para apresentar os resultados deste estudo em eventos da área de saúde e publicar em revista científica. Por ocasião da publicação dos resultados, seu nome será mantido em sigilo.

Informamos, ainda, que essa pesquisa não oferece riscos previsíveis para a sua saúde e que todo o custeio será realizado pelo Laboratório de DNA do Instituto de Polícia Científica da Paraíba, não havendo nenhum custo ao participante.

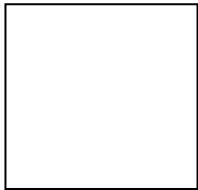
Esclarecemos que sua participação no estudo é voluntária e, portanto, o senhor não é obrigado a fornecer as informações e/ou colaborar com as atividades solicitadas pela Pesquisadora. Caso decida não participar do estudo, ou resolver a qualquer momento desistir do mesmo, não sofrerá nenhum dano.

A pesquisadora estará a sua disposição para qualquer esclarecimento que considere necessário em qualquer etapa da pesquisa.

Diante do exposto, declaro que fui devidamente esclarecido e dou o meu consentimento para participar da pesquisa e para publicação dos resultados. Estou ciente que receberei uma cópia desse documento.

Assinatura do Participante da
Pesquisa
ou Responsável Legal

Assinatura da Testemunha



Polegar direito

Atenciosamente,

Assinatura da Pesquisadora Responsável

Contato com a Pesquisadora Responsável:
Caso necessite de maiores informações sobre o presente estudo, favor ligar para a pesquisadora Sarah Gurgel de Castro- Telefone: 83-88923293

**ANEXOS III - ALELOS MAIS FREQUENTES, NO ESTUDADOS, EM
DIFERENTES POPULAÇÕES.**

TPOX			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	8	0,405	População Estudada
	11	0,288	
Centro de Portugal	8	0,552	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	11	0,294	
China (Qinghai)	8	0,532	Deng <i>et al.</i> , 2011
	12	0,287	
Espanha	8	0,534	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	11	0,255	
Espírito Santo	8	0,581	Silva <i>et al.</i> , 2011
	11	0,243	
Goiás	8	0,430	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	11	0,290	
Indígenas da Amazônia	11	0,470	Manta <i>et al.</i> , 2012b
	12	0,294	
Itália	8	0,537	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	11	0,254	
Leste da Malásia	8	0,451	Kee <i>et al.</i> , 2011
	11	0,451	
Macapá	8	0,432	Francez <i>et al.</i> , 2011
	11	0,295	
Mato Grosso do Sul	8	0,440	FIGUEIREDO, 2007
	11	0,316	
México	8	0,525	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	11	0,281	
Rio de Janeiro	8	0,432	Aranha, 2012
	11	0,261	
São Paulo	8	0,461	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	11	0,263	
Sul da Espanha	8	0,483	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	11	0,289	

D16S539			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	11	0,268	População Estudada
	12	0,244	
Centro de Portugal	11	0,287	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	12	0,286	
China (Qinghai)	11	0,270	Deng <i>et al.</i> , 2011
	9	0,252	
Espanha	12	0,325	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	11	0,266	
Espírito Santo	11	0,354	Silva <i>et al.</i> , 2011
	12	0,262	
Goiás	11	0,300	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	12	0,270	
Indígenas da Amazônia	11	0,410	Manta <i>et al.</i> , 2012b
	12	0,184	
Itália	11	0,314	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	12	0,270	
Leste da Malásia	11	0,312	Kee <i>et al.</i> , 2011
	10	0,260	
Macapá	11	0,246	Francez <i>et al.</i> , 2011
	12	0,240	
Mato Grosso do Sul	11	0,307	FIGUEIREDO, 2007
	12	0,237	
México	12	0,316	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	10	0,241	
Rio de Janeiro	11	0,284	Aranha, 2012
	12	0,235	
São Paulo	11	0,285	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	9	0,180	
Sul da Espanha	12	0,278	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	11	0,267	
Tibete (Changdu)	11	0,326	Longli <i>et al.</i> , 2007
	9	0,179	
Tibete (Naqu)	11	0,381	Longli <i>et al.</i> , 2007
	12	0,207	

D3S1358			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	15	0,308	População Estudada
	16	0,291	
Centro de Portugal	15	0,258	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	16	0,202	
China (Qinghai)	15	0,354	Deng <i>et al.</i> , 2011
	16	0,327	
Espanha	16	0,260	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	15	0,256	
Espírito Santo	15	0,329	Silva <i>et al.</i> , 2011
	16	0,231	
Goiás	15	0,335	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	16	0,240	
Indígenas da Amazônia	15	0,608	Manta <i>et al.</i> , 2012
	16	0,220	
Leste da Malásia	15	0,432	Kee <i>et al.</i> , 2011
	16	0,460	
Mato Grosso do Sul	15	0,332	FIGUEIREDO, 2007
	16	0,232	
México	15	0,496	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	16	0,248	
Norte da Itália	17	0,241	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	16	0,233	
Rio de Janeiro	15	0,307	Aranha, 2012
	16	0,284	
São Paulo	15	0,324	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	16	0,276	
Sul da Espanha	15	0,233	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	18	0,233	
Sul da Itália	16	0,266	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	17	0,253	
Tibete (Changdu)	16	0,397	Longli <i>et al.</i> , 2007
	15	0,385	
Tibete (Naqu)	16	0,305	Longli <i>et al.</i> , 2007
	15	0,305	

FGA			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	22	0,155	População Estudada
	24	0,154	
Centro de Portugal	21	0,193	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	22	0,178	
China (Qinghai)	23	0,226	Deng <i>et al.</i> , 2011
	24	0,186	
Espanha	21	0,208	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	22	0,163	
Espírito Santo	22	0,195	Silva <i>et al.</i> , 2011
	21	0,183	
Goiás	22	0,170	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	23	0,146	
Indígenas da Amazônia (Terenas)	24	0,350	Manta <i>et al.</i> , 2012
	25	0,205	
Itália	22	0,181	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	21	0,167	
Leste da Malásia	22	0,244	Kee <i>et al.</i> , 2011
	21	0,169	
Macapá	24	0,157	Francez <i>et al.</i> , 2011
	25	0,145	
Mato Grosso do Sul	24	0,161	FIGUEIREDO, 2007
	23	0,157	
México	25	0,194	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	23	0,169	
Norte da Itália	20.2	0,205	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	23.2	0,172	
Rio de Janeiro	22	0,170	Aranha, 2012
	21	0,163	
São Paulo	22	0,167	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	24	0,160	
Sul da Espanha	22	0,183	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	24	0,172	
Sul da Itália	24	0,177	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	22	0,160	
Tibete (Changdu)	23	0,230	Longli <i>et al.</i> , 2007
	22	0,177	
Tibete (Naqu)	23	0,265	Longli <i>et al.</i> , 2007
	24	0,185	

D19S433			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	14	0,281	População Estudada
	13	0,260	
Centro de Portugal	14	0,313	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	13	0,265	
China (Qinghai)	13	0,365	Deng <i>et al.</i> , 2011
	14	0,240	
Espanha	14	0,338	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	13	0,240	
Mato Grosso do Sul	14	0,297	FIGUEIREDO, 2007
	13	0,235	
México	14	0,241	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	13	0,171	
Rio de Janeiro	13	0,258	Aranha, 2012
	14	0,249	
São Paulo	14	0,277	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	15	0,127	
Sul da Espanha	14	0,333	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	13	0,289	
Tibete (Changdu)	13	0,272	Longli <i>et al.</i> , 2007
	14	0,188	
Tibete (Naqu)	14	0,326	Longli <i>et al.</i> , 2007
	13	0,292	

D21S11			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	30	0,250	População Estudada
	29	0,207	
Centro de Portugal	30	0,250	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	29	0,231	
China (Qinghai)	30	0,266	Deng <i>et al.</i> , 2011
	29	0,250	
Espanha	30	0,270	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	29	0,236	
Espírito Santo	30	0,238	Silva <i>et al.</i> , 2011
	28	0,231	
Indígenas da Amazônia (Terenas)	30	0,245	Manta <i>et al.</i> , 2012
	31	0,133	
Itália	30	0,270	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	29	0,233	
Leste da Malásia	30	0,260	Kee <i>et al.</i> , 2011
	29	0,182	
Macapá	30	0,257	Francez <i>et al.</i> , 2011
	29	0,180	
Mato Grosso do Sul	30	0,270	FIGUEIREDO, 2007
	29	0,215	
México	30	0,281	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	29	0,190	
Norte da Itália	29	0,255	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	30	0,197	
Rio de Janeiro	30	0,242	Aranha, 2012
	29	0,216	
São Paulo	30	0,224	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	29	0,203	
Sul da Espanha	30	0,300	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	29	0,239	
Sul da Itália	30	0,250	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	29	0,193	
Tibete (Changdu)	29	0,307	Longli <i>et al.</i> , 2007
	30	0,237	
Tibete (Naqu)	29.2	0,280	Longli <i>et al.</i> , 2007
	30	0,251	

D8S1179			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	13	0,307	População Estudada
	14	0,264	
Centro de Portugal	13	0,313	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	14	0,236	
China (Qinghai)	13	0,242	Deng <i>et al.</i> , 2011
	14	0,195	
Espanha	13	0,283	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	14	0,224	
Espírito Santo	13	0,381	Silva <i>et al.</i> , 2011
	14	0,193	
Goiás	13	0,275	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	14	0,274	
Indígenas da Amazônia (Terenas)	13	0,315	Manta <i>et al.</i> , 2012
	14	0,262	
Itália	13	0,312	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	14	0,236	
Leste da Malásia	13	0,288	Kee <i>et al.</i> , 2011
	14	0,224	
Macapá	13	0,307	Francez <i>et al.</i> , 2011
	14	0,236	
Mato Grosso do Sul	13	0,301	FIGUEIREDO, 2007
	14	0,268	
México	13	0,343	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	14	0,290	
Norte da Itália	13	0,241	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	14	0,223	
Rio de Janeiro	14	0,294	Aranha, 2012
	13	0,264	
São Paulo	13	0,292	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	14	0,260	
Sul da Espanha	13	0,278	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	14	0,229	
Sul da Itália	13	0,303	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	14	0,1800	
Tibete (Changdu)	14	0,211	Longli <i>et al.</i> , 2007
	13	0,205	
Tibete (Naqu)	13	0,254	Longli <i>et al.</i> , 2007
	14	0,184	

vWA			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	16	0,275	População Estudada
	17	0,234	
Centro de Portugal	17	0,289	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	16	0,283	
China (Qinghai)	17	0,260	Deng <i>et al.</i> , 2011
	16	0,208	
Espanha	17	0,266	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	16	0,254	
Espírito Santo	17	0,329	Silva <i>et al.</i> , 2011
	18	0,231	
Goiás	16	0,260	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	17	0,236	
Indígenas da Amazônia (Terenas)	16	0,509	Manta <i>et al.</i> , 2012
	17	0,252	
Itália	17	0,286	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	16	0,237	
Leste da Malásia	18	0,296	Kee <i>et al.</i> , 2011
	17	0,292	
Macapá	16	0,326	Francez <i>et al.</i> , 2011
	17	0,257	
Mato Grosso do Sul	16	0,301	FIGUEIREDO, 2007
	17	0,263	
México	16	0,357	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	17	0,293	
Norte da Itália	17	0,215	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	18	0,215	
Rio de Janeiro	17	0,250	Aranha, 2012
	16	0,234	
São Paulo	16	0,262	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	17	0,248	
Sul da Espanha	17	0,289	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	16	0,280	
Sul da Itália	17	0,283	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	18	0,203	
Tibete (Changdu)	16	0,269	Longli <i>et al.</i> , 2007
	17	0,250	
Tibete (Naqu)	17	0,258	Longli <i>et al.</i> , 2007
	16	0,252	

D2S1338			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	17	0,203	População Estudada
	20	0,124	
Centro de Portugal	17	0,273	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	20	0,147	
China (Qinghai)	19	0,186	Deng <i>et al.</i> , 2011
	20	0,118	
Espanha	17	0,276	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	20	0,160	
Mato Grosso do Sul	17	0,201	FIGUEIREDO, 2007
	19	0,137	
México	19	0,269	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	23	0,178	
Rio de Janeiro	17	0,182	Aranha, 2012
	19	0,152	
São Paulo	13	0,234	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	17	0,208	
Sul da Espanha	17	0,278	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	20	0,139	
Tibete (Changdu)	23	0,296	Longli <i>et al.</i> , 2007
	19	0,236	
Tibete (Naqu)	23	0,262	Longli <i>et al.</i> , 2007
	20	0,143	

D18S51			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	14	0,163	População Estudada
	15	0,147	
Centro de Portugal	14	0,150	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	15	0,149	
China (Qinghai)	14	0,220	Deng <i>et al.</i> , 2011
	13	0,199	
Espanha	14	0,166	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	15	0,168	
Espírito Santo	16	0,231	Silva <i>et al.</i> , 2011
	15	0,152	
Goiás	16	0,140	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	15	0,136	
Indígenas da Amazônia (Terenas)	14	0,278	Manta <i>et al.</i> , 2012
	17	0,183	
Itália	14	0,171	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	13	0,154	
Leste da Malásia	15	0,334	Kee <i>et al.</i> , 2011
	14	0,292	
Macapá	15	0,180	Francez <i>et al.</i> , 2011
	14	0,174	
Mato Grosso do Sul	14	0,177	FIGUEIREDO, 2007
	15	0,144	
México	14	0,169	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	17	0,167	
Norte da Itália	13	0,165	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	12	0,151	
Rio de Janeiro	15	0,170	Aranha, 2012
	16	0,156	
São Paulo	12	0,336	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	13	0,203	
Sul da Espanha	12	0,167	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	17	0,150	
Sul da Itália	14	0,193	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	12	0,167	
Tibete (Changdu)	13	0,329	Longli <i>et al.</i> , 2007
	16	0,166	
Tibete (Naqu)	13	0,240	Longli <i>et al.</i> , 2007
	15	0,165	

TH01			
População	Alelos mais Frequentes	Frequência	Referência
Paraíba	7	0,165	População Estudada
	9,3	0,216	
Centro de Portugal	9.3	0,328	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	6	0,210	
China (Qinghai)	9	0,480	Deng <i>et al.</i> , 2011
	7	0,262	
Espanha	9.3	0,261	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	9	0,215	
Espírito Santo	7	0,273	Silva <i>et al.</i> , 2011
	9.3	0,230	
Goiás	7	0,296	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	6	0,287	
Indígenas da Amazônia (Terenas)	7	0,487	Manta <i>et al.</i> , 2012
	6	0,043	
Itália	6	0,269	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	9	0,222	
Leste da Malásia	9	0,406	Kee <i>et al.</i> , 2011
	7	0,288	
Macapá	7	0,289	Francez <i>et al.</i> , 2011
	6	0,272	
Mato Grosso do Sul	7	0,274	FIGUEIREDO, 2007
	9.3	0,230	
México	7	0,378	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	6	0,276	
Rio de Janeiro	7	0,261	Aranha, 2012
	9	0,192	
São Paulo	12	0,325	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	7	0,244	
Sul da Espanha	9	0,212	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	9.3	0,211	
Tibete (Changdu)	9	0,544	Longli <i>et al.</i> , 2007
	7	0,288	
Tibete (Naqu)	9	0,524	Longli <i>et al.</i> , 2007
	6	0,222	

CSF1PO			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	12	0,329	População Estudada
	11	0,303	
Centro de Portugal	11	0,334	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	12	0,325	
China (Qinghai)	12	0,385	Deng <i>et al.</i> , 2011
	11	0,241	
Espanha	11	0,330	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	12	0,326	
Espírito Santo	10,11	0,329	Silva <i>et al.</i> , 2011
	12	0,237	
Goiás	12	0,280	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	11	0,265	
Indígenas da Amazônia (Terenas)	12	0,312	Manta <i>et al.</i> , 2012
	10	0,284	
Itália	12	0,325	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	11	0,317	
Leste da Malásia	12	0,412	Kee <i>et al.</i> , 2011
	11	0,308	
Macapá	12	0,323	Francez <i>et al.</i> , 2011
	11,10	0,272	
Mato Grosso do Sul	12	0,350	FIGUEIREDO, 2007
	11	0,281	
México	12	0,365	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	10	0,287	
Rio de Janeiro	12	0,312	Aranha, 2012
	11	0,276	
São Paulo	11	0,275	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	10	0,269	
Sul da Espanha	11	0,361	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	10	0,278	
Tibete (Changdu)	12	0,359	Longli <i>et al.</i> , 2007
	10	0,294	
Tibete (Naqu)	12	0,382	Longli <i>et al.</i> , 2007
	10	0,274	

D7S820			
População	Alelos	Frequência	Referência
Paraíba	10	0,276	População Estudada
	11	0,241	
Centro de Portugal	10	0,271	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	12	0,207	
China (Qinghai)	10	0,301	Deng <i>et al.</i> , 2011
	12	0,232	
Espanha	10	0,295	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	11	0,184	
Espírito Santo	10,11	0,256	Silva <i>et al.</i> , 2011
	8	0,164	
Goiás	10	0,249	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	11	0,277	
Indígenas da Amazônia (Terenas)	11	0,332	Manta <i>et al.</i> , 2012
	12	0,189	
Itália	10	0,300	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	11	0,234	
Leste da Malásia	11	0,539	Kee <i>et al.</i> , 2011
	8	0,166	
Macapá	10	0,259	Francez <i>et al.</i> , 2011
	11	0,270	
Mato Grosso do Sul	10	0,268	FIGUEIREDO, 2007
	11	0,254	
México	11	0,338	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	12	0,247	
Norte da Itália	10	0,248	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	11	0,233	
Rio de Janeiro	10	0,300	Aranha, 2012
	11	0,209	
São Paulo	12	0,310	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	10	0,291	
Sul da Espanha	11	0,272	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	12	0,189	
Sul da Itália	10,11	0,256	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	12	0,166	
Tibete (Changdu)	11	0,326	Longli <i>et al.</i> , 2007
	12	0,294	
Tibete (Naqu)	11	0,365	Longli <i>et al.</i> , 2007
	12	0,220	

D13S317			
População	Alelos mais Frequentes	Frequência	Referência
Paraíba	12	0,310	População Estudada
	11	0,296	
Centro de Portugal	11	0,361	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	12	0,243	
China (Qinghai)	8	0,239	Deng <i>et al.</i> , 2011
	11	0,235	
Espanha	12	0,298	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	11	0,294	
Espírito Santo	12	0,335	Silva <i>et al.</i> , 2011
	11	0,310	
Goiás	11	0,297	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	12	0,274	
Indígenas da Amazônia (Terenas)	10.2	0,261	Manta <i>et al.</i> , 2012
	12	0,243	
Itália	11	0,300	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	12	0,299	
Macapá	12	0,275	Francez <i>et al.</i> , 2011
	11	0,249	
Mato Grosso do Sul	12	0,290	FIGUEIREDO, 2007
	11	0,265	
México	9	0,260	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	12	0,202	
Norte da Itália	11	0,279	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	12	0,249	
Rio de Janeiro	12	0,335	Aranha, 2012
	11	0,298	
São Paulo	11	0,279	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	12	0,249	
Sul da Espanha	15	0,233	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	18	0,233	
Sul da Itália	12	0,323	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	11	0,276	
Tibete (Changdu)	8	0,224	Longli <i>et al.</i> , 2007
	11	0,217	
Tibete (Naqu)	11	0,254	Longli <i>et al.</i> , 2007
	8	0,200	

D5S818			
População	Alelos mais Frequentes	Frequência	Referência
Paraíba	11,12	0,337	População Estudada
	13	0,159	
Centro de Portugal	12	0,379	Lopes <i>et al.</i> , 2009
	11	0,354	
China (Qinghai)	11	0,351	Deng <i>et al.</i> , 2011
	12	0,251	
Espanha	12	0,379	Camacho, Benito, Figueiras, 2007
	11	0,364	
Espírito Santo	12	0,457	Silva <i>et al.</i> , 2011
	11	0,286	
Goiás	12	0,345	Vieira <i>et al.</i> , 2013
	11	0,329	
Itália	12	0,382	Brisighelli <i>et al.</i> , 2009
	11	0,272	
Leste da Malásia	11	0,393	Kee <i>et al.</i> , 2011
	10	0,338	
Macapá	11	0,345	Francez <i>et al.</i> , 2011
	12	0,316	
Mato Grosso do Sul	11	0,353	FIGUEIREDO, 2007
	12	0,330	
México	11	0,502	Luna-Vazquez <i>et al.</i> , 2005
	12	0,213	
Norte da Itália	12	0,399	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	11	0,305	
Rio de Janeiro	12	0,347	Aranha, 2012
	11	0,300	
São Paulo	11	0,307	Fridman <i>et al.</i> , 2008
	10	0,057	
Sul da Espanha	12	0,394	Gaibar <i>et al.</i> , 2010
	11	0,356	
Sul da Itália	11	0,380	Andreini <i>et al.</i> , 2007
	12	0,326	
Tibete (Changdu)	11	0,376	Longli <i>et al.</i> , 2007
	10	0,207	
Tibete (Naqu)	11	0,375	Longli <i>et al.</i> , 2007
	12	0,265	

C355e Castro, Sarah Gurgel de.
Estudo de frequências alélicas de 15 STRs autossômicos na população paraibana / Sarah Gurgel de Castro.-- João Pessoa, 2013.
90f. : il.
Orientador: José Pinto de Siqueira Júnior
Dissertação (Mestrado) - UFPB/CCEN
1. Biologia celular e molecular. 2. DNA. 3. STR.
4. Frequência alélica.

UFPB/BC

CDU: 576+577.2(043)