Curso: Mestrado Genética

Titulo: Taxa de mutações de marcadores STRs sexuais em uma amostra da população de Goiás
Autores: Isabella Lacerda Fernandes Aparecido Divino da CruzCláudio Carlos da SilvaThaís Cidália Vieira
orientador: Cláudio Carlos da Silva

Resumo

Introdução e Objetivos
Os microssatélites (STRs short tandem repeat) são pequenas seqüências de DNA que consistem em repetições de um motivo que varia de um a seis pares de bases. Os STRs são marcadores altamente polimórficos sendo utilizados constantemente na identificação humana devido as suas vantagens, como segurança, automatização, pequeno conjunto de loci e alto poder de discriminação. A combinação dos vários genótipos possíveis faz com que cada indivíduo possua um perfil único, que permite a sua identificação. A identificação humana é rotineiramente feita por testes de vínculo biológico, também designados por testes de filiação biológica ou testes de paternidade, que são realizados em geral a dois indivíduos com a finalidade de confirmar ou excluir uma relação genética de parentesco. O objetivo do estudo é estimar, em uma amostra populacional do Estado de Goiás, as taxas de mutações observadas em marcadores STRs de cromossomos sexuais e suas implicações na identificação humana.

Material
A presente proposta trata-se de um estudo molecular, que será conduzido no LaGene- Laboratório de Citogenética Humana e Genética Molecular e no NPR- Núcleo de Pesquisas Replicon da Pontifícia Universidade Católica de Goiás no período de 2013 a 2014. As amostras de estudo serão selecionadas de aproximadamente 150 casos de paternidade, totalizando 450 amostras, encaminhados pelo Ministério Público ao LaGene no período de 2012 a 2013, para testes de paternidade. Os indivíduos participantes serão submetidos à coleta de amostra biológica por meio de punção venosa. O DNA genômico será purificado a partir do sangue total utilizando-se um kit comercial de extração de DNA de acordo com instruções do fabricante. A amplificação será feita por PCR convencional, utilizando primers para delimitar a seqüência a ser amplificada. Os cálculos estatísticos serão realizados para comparação das freqüências populacionais dos marcadores utilizados, uma vez que pode haver variações entre grupos populacionais. As freqüências alélicas, a diversidade haplotípica e os índices de polimorfismos de DNA serão obtidos com auxílio do programa Arlequin 2.0.

Resultado

Trabalho em andamento.

Conclusão

Trabalho em andamento.

Referências
EVETT, IW & WEIR, BS. Interpreting DNA Evidence: Statistical Genetics for Forensic Scientists. Sinauer Associates Ed, Sunderland, MA, US, 1998.
SANTOS HG, PEREIRA AGD, VIEIRA LM. Normas de bioética e questões jurídicas na realização de testes de paternidade fora de um processo judicial em Portugal. Parecer da Comissão de Bioética da Sociedade Portuguesa de Genética Humana (SPGH), 2010
Schlötterer, C. (2000). Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. Chromosoma, 109,365-371.
Sutherland, G. R., & Richards, R. I. (1995). Simple tandem DNA repeats and human genetic disease. Proceedings of the National Academy of Sciences of USA, 92, 3636-3641.

palavras-chave: STRs; identificação humana; teste de paternidade

modalidade de Fomento: Capes