



**AVALIAÇÃO CROMOSSOMICA UTILIZANDO A ANÁLISE  
CROMOSSOMICA POR MICROARRANJO (CMA) NO AUXÍLIO  
DIAGNÓSTICO DO TRANSTORNO DO ESPECTRO AUTISTA (TEA)**  
GUSTAVO RIOS NASCIMENTO; APARECIDO DIVINO DA CRUZ; IRENE  
PLAZA PINTO; DAMIANA MÍRIAN DA CRUZ E CUNHA; CRISTIANO LUIZ  
RIBEIRO; LYSA BERNARDES MINASI  
gustavoriosnas@gmail.com

**Objetivo:** O objetivo do estudo foi demonstrar o uso da técnica de CMA como auxílio no diagnóstico do TEA. **Método:** Este trabalho foi desenvolvido no Núcleo de Pesquisas Replicon (NPR) da Pontifícia Universidade Católica de Goiás. O paciente foi encaminhado ao NPR/LaGene através da rede pública de Saúde com indicação clínica de atraso no desenvolvimento global. O responsável pelo paciente concordou que o mesmo participasse de forma voluntária da pesquisa e assinou o termo de consentimento livre e esclarecido (TCLE). Os pais também foram convidados a participar do estudo e assinaram de forma voluntária o TCLE. **Resultados:** Observamos ganho nas regiões cromossômicas 3p26.3 e 12q24.22 em que se localizam os genes CNTN6 e NOS1, respectivamente. Alterações como deleções, inserções, polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) e variações no número de cópias (CNV) nestas regiões são alvos de estudo na tentativa de estabelecer correlação com o fenótipo do TEA. **Conclusão:** Podemos observar que alterações em ambos os genes, apesar de apresentarem importantes resultados em relação a influência o fenótipo de TEA, ainda não fornecem informação suficiente sobre a associação direta entre os genes NOS-I, CNTN-6 com o TEA.

**Palavras-chave:** Autismo. Nos-I. Cntn-6