

Caracterização genética do estado do Maranhão com 25 marcadores Yfiler®Plus

Ribeiro J, Jannuzzi J, Azulay R, Ferreira S, Gomes V, Aparecida D, Carvalho E, Gusmão, L.
Laboratório de Diagnóstico por DNA (LDD), Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil

e-mail: julyanaribeiro18.jr@gmail.com.

Palabras clave: microsátélites; Y-STRs; Maranhão; Brasil.

Introdução. Os marcadores STR específicos do cromossomo Y são amplamente utilizados na genética populacional, para inferir ancestralidade paterna, movimentos migratórios e diferenças genéticas entre populações [1-2]. O kit YfilerPlus tem se mostrado uma boa ferramenta em estudos genéticos populacionais e em identificação forense, devido ao elevado poder de discriminação atribuído aos marcadores com altas taxas de mutação. A população brasileira é conhecida notoriamente por uma heterogeneidade genética, resultante da miscigenação entre europeus, nativo-americanos e africanos [3].

Objetivos. i) caracterizar o perfil genético de 84 indivíduos do estado do Maranhão com o kit YfilerPlus® (Applied Biosystems); ii) avaliar se há subestrutura populacional entre cinco amostras populacionais de estados do Brasil.

Material e Métodos. Foram coletadas 84 amostras de indivíduos do sexo masculino não aparentados, residentes no estado do Maranhão. O DNA foi extraído por métodos padrão de chelex e fenol/clorofórmio. As 84 amostras foram genotipadas com o kit YfilerPlus® (Applied Biosystems), seguindo as instruções do fabricante. A genotipagem foi realizada com o auxílio do *software* GeneMapper v.4.1 (Life Technologies). Os valores de diversidade haplotípica (HD) e de distância genética (F_{ST}) foram calculados com o *software* Arlequin v3.5.1.2 [4]

Resultados e Discussão. Foi observada uma HD de $1,0000 \pm 0,0018$, não se tendo observado haplótipos compartilhados na amostra do Maranhão. Esse valor é maior do que aquele relatado por Jannuzzi et al. [5] para uma amostra de 114 indivíduos do Maranhão (HD = 99,992). Ao comparar a presente amostra do Maranhão com aquela disponível no YHRD (YA004348), não foram encontradas diferenças estatisticamente significativas ($F_{ST} = 0,00012$; com um valor de probabilidade de não-diferenciação de 0,40165, para 50.000 permutações), apontando para uma homogeneidade genética na população do Maranhão. –A análise de distâncias genéticas (F_{ST}) entre o Maranhão e outras quatro populações de estados brasileiros não revelou subestrutura

populacional ($F_{ST} \leq 0,0014$; valores de probabilidade de não-diferenciação para 50.000 permutações $\geq 0,1096$), para um nível de significância de 0,0004 após a correção de Bonferroni (Figura 1). Outros estudos realizados com base em 23 e 25 Y-STRs em populações brasileiras apresentaram resultados semelhantes, nos quais distâncias genéticas não significativas apontaram para uma homogeneidade entre a maioria das populações das cinco regiões do Brasil [5-6].

	Maranhão	Espírito Santo	São Paulo	Rio Grande do Sul	Rio de Janeiro
Maranhão	-	0.83763±0.0016	0.56585±0.0020	0.11577±0.0014	0.70697±0.0020
Espírito Santo	-0.00210	-	0.76078±0.0019	0.61155±0.0022	0.97489±0.0007
São Paulo	-0.00051	-0.00190	-	0.54361±0.0024	0.87187±0.0014
Rio Grande do Sul	0.00146	-0.00097	-0.00043	-	0.10965±0.0014
Rio de Janeiro	-0.00069	-0.00316	-0.00149	0.00134	-

Figura 1: Distâncias genéticas (F_{ST}) entre as amostras de cinco estados brasileiros.

Conclusão. O aumento da amostra populacional do Maranhão contribui para uma melhor representação desta população no banco de dados, relativamente a dados do YfilerPlus®, que pode ser usada em investigações forenses e análises de parentesco. Não foi detectada subestrutura, após comparação dos cinco estados brasileiros, apoiando que uma única base de dados pode ser representativa de populações miscigenadas de diferentes estados do Brasil.

Agradecimentos. O apoio financeiro foi concedido pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq.

Referencias.

1. Kayser M, et al. (2004). Am. J. Hum. Genet. 74:1183–1197.
2. Ballantyne KN, et al. (2010). Am. J. Hum. Genet. 87: 341–353.
3. Palha T, et al. (2012). PLoSOne 7: 1–8.
4. Excoffier L, (2010). Mol. Ecol. Resour 10:564–567.
5. Jannuzzi J, et al. (2017). Forensic Sci. Int. Genet. 6: 82–83.
6. Purps J, et al. (2014). Forensic Sci. Int. Genet. 12: 12–23.