

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE GENÉTICA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA

**ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO PERNAMBUCANA
PELA DETERMINAÇÃO DO POLIMORFISMO DE 5 LOCOS DE
STRs**

MICHELE LUCY BEZERRA HAVRO

RECIFE
2003

MICHELE LUCY BEZERRA HAVRO

**ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO PERNAMBUCANA
PELA DETERMINAÇÃO DO POLIMORFISMO DE 5 LOCOS DE
STRs**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em
Genética da Universidade Federal de Pernambuco para a
obtenção do grau de Mestre em Genética

Orientador: Prof. Dr. Luiz Maurício da Silva

RECIFE
2003

Ao meu marido Ricardo e minha filha Clara.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tuas bênçãos em minha vida;

À minha família pelo apoio, no qual consegui me erguer e caminhar com meus próprios pés;

Ao meu marido Ricardo, por todo teu amor e por me fazer acreditar que sou capaz de tudo aquilo que quero;

À minha pequenina Clara pela graça de, através de ti, tornar-me mãe e pela luz, alegria, esperança e união que trouxeste contigo;

As minhas amigas Karol e Eryca por nossos momentos inesquecíveis;

A todos que fazem o Laboratório de Genética Molecular Humana, em especial Adriana e Glorinha, pela amizade, contribuição e ombro amigo durante todo este tempo que estivemos juntas;

A Marcela Souza pelo auxílio nas análises estatísticas;

Aos meus orientadores Prof. Dr. Luiz Maurício da Silva e Profa. Dra. Rosilda Santos Silva pela oportunidade de realização deste trabalho;

A todos os Professores do Departamento de Genética- UFPE pelos ensinamentos dados;

E, aos meus colegas de turma, pelos bons momentos durante nossas aulas.

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE GENÉTICA

ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO PERNAMBUCANA PELA
DETERMINAÇÃO DO POLIMORFISMO DE 5 LOCOS DE STRs

MICHELE LUCY BEZERRA HAVRO

ORIENTADOR: LUIZ MAURÍCIO DA SILVA

COORDENADORA DO MESTRADO EM GENÉTICA: Profa. Dra. Ana Maria Benko Iseppon

BANCA EXAMINADORA: Prof. Dr. José Ferreira dos Santos
Departamento de Genética - UFPE

Profa. Dra. Rosilda dos Santos Silva
Departamento de Genética – UFPE

Profa. Dra. Vera Lúcia Menezes
Departamento de Bioquímica – UFPE

SUPLENTE: Prof. Dr. Valdir de Queiroz Balbino
Universidade Federal Rural de Pernambuco

Prof. Dr. Maços Antônio de Moraes Júnior
Departamento de Genética - UFPE

RECIFE, 2003

ÍNDICE

1.	RESUMO	7
2.	INTRODUÇÃO	9
3.	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	11
3.1	Seqüências repetidas de DNA.....	12
3.2	Polimorfismo de VNTRs e STRs.....	13
3.3	D5S818.....	14
3.4	D3S1358.....	17
3.5	D8S1179.....	20
3.6	D18S51.....	21
3.7	D21S11.....	24
4.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	29
5.	ARTIGO	40
6.	ABSTRACT.....	54

1. RESUMO

154 indivíduos não relacionados da população do Estado de Pernambuco (Nordeste do Brasil) foram estudados quanto ao polimorfismo de cinco locos de *short tandem repeats* (STR). A metodologia usada foi PCR-PAGE seguida de coloração com nitrato de prata. Os alelos mais frequentes foram: 15 (0.3403), 11 (0.3264), 13 (0.2718), 15 (0.1753) e 30 (0.2247), para os locos D3S1358, D5S818, D8S1179, D18S51e D21S11, respectivamente. Em todos os locos a distribuição genotípica observada encontra-se de acordo com o equilíbrio de Hardy-Weinberg. Com relação aos parâmetros forenses, as heterozigosidades observadas foram: 0,857 para o loco D3S1358, 0,802 para D5S818, 0,805 para D8S1179, 0,890 para D18S51 e 0,904 para D21S11. O poder de exclusão, seguindo a ordem dos locos descrita anteriormente, foi 0,709; 0,603; 0,609; 0,774 e 0,803. O conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) foi 0,72 para D3S1358, 0,70 para D5S818, 0,80 para D8S1179, 0,86 para D18S51 e 0,80 para D21S11. O poder de exclusão e o poder de discriminação combinado foi 0,9980 e 0,999998, respectivamente. Comparando-se Pernambuco com suas populações ancestrais, baseado nas distâncias genéticas, pode-se dizer que a população Pernambucana está geneticamente mais próxima das populações Caucasianas Européias ($D = 0,0278$) do que das Africanas ($D = 0,0446$). Todos os locos se mostraram bons marcadores para estudos de genética forense e populacional.

2. INTRODUÇÃO

A população pernambucana, assim como as demais populações do Nordeste Brasileiro, possui uma mistura racial que a torna uma população de característica genética única, na qual os habitantes não podem ser vistos como pertencentes a nenhuma das raças branca, negra ou índia. A caracterização destas populações tornou-se mais simples somente nas últimas décadas, com o avanço tecnológico e a utilização de marcadores moleculares, sendo o estudo dos polimorfismos genéticos um meio eficaz que visa esclarecer o quanto cada grupo racial contribuiu para a formação das atuais populações nordestinas.

Um certo número de técnicas de biologia molecular permite o estudo destes polimorfismos, das quais, a técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) é a mais utilizada mundialmente. Entre os diversos sistemas moleculares que podem ser analisados por PCR estão as VNTRs (*Variable Number of Tandem Repeats*) – conjuntos de seqüências de nucleotídeos repetidas (em tandem). Cada loco de VNTR contém uma seqüência repetida específica. A variação no número de vezes com que esta seqüência se apresenta em um determinado loco é que determina os diferentes alelos. Quando a seqüência repetida (ou unidade de repetição) contém 2-6 pares bases (pb), a VNTR é chamada STR (*Short Tandem Repeat*).

Atualmente, o polimorfismo de VNTRs e STRs têm sido muito utilizado tanto em estudos populacionais como para inferir a história evolutiva humana, para identificação de indivíduos em ciência forense, investigação de paternidade, entre outras.

Considerando que pouco se sabe sobre o polimorfismo destas STRs em populações do Nordeste Brasileiro, especialmente na de Pernambuco, propusemos a realização do presente trabalho com os seguintes objetivos:

Objetivo Geral:

1) Caracterizar a população de Pernambuco quanto aos marcadores D3S1358, D5S818, D8S1179, D18S51 e D21S11;

Objetivos Específicos:

1) Comparar as freqüências alélicas destes cinco locos com as de outras populações mundiais já estudadas e verificar as distâncias genéticas entre elas e;

2) Fornecer parâmetros estatísticos que validarão os testes de identificação de indivíduos nesta população a partir destes marcadores.

3. REVISÃO DA LITERATURA

3.1 Sequências repetidas de DNA

O genoma nuclear humano contém uma grande quantidade de seqüências de DNA altamente repetidas que são, de forma predominante, inativas no que se refere à transcrição. Estas seqüências de DNA repetidas podem apresentar-se dispersas pelo genoma ou agrupadas uma ao lado das outras (em *tandem*). As seqüências de DNA repetidas que estão dispostas em tandem foram inicialmente chamadas de DNA satélite, o qual era classificado em DNA satélite clássico, DNA minissatélite e DNA microssatélite de acordo com o comprimento do grupamento de seqüências repetidas (Brown, 1999).

A partir de 2001, passou-se a classificar as seqüências de DNA repetidas (também denominadas - unidades de repetição) de acordo com seus comprimentos e sua localização no genoma em: DNA megassatélite, satélite, minissatélite (VNTRs) e microssatélites (STRs) (Mattioli, 2001)

O DNA megassatélite ou macrossatélite é constituído pelas maiores unidades de repetição cujos comprimentos chegam a ter vários quilobases de extensão. Essa classe é exemplificada pelo megassatélite RS447, que consiste de cerca de 60 unidades de repetição em tandem resultando em um fragmento de 4,7kb (Giondo e cols., 1998)

O DNA satélite é caracterizado por arranjos longos de DNA com unidades de repetição que variam de 10 a 110 pares de bases (pb). Localiza-se principalmente em regiões de heterocromatina e acredita-se que esteja envolvido, por exemplo, na estrutura e na função dos centrômeros (Browater e Wells,2000)

O DNA minissatélite compreende uma coleção de seqüências de DNA repetidas em tandem com unidades de repetição entre 7 e 40pb e localizadas perto dos telômeros. O DNA minissatélite também é chamando de VNTR (*variable number of tandem repeats*) (Browater e Wells,2000)

No fim dos anos 80, foram isoladas unidades de repetição menores que os minissatélites, dispersas por todo o genoma que foram denominadas de microssatélites (Weber e May, 1989). O DNA microssatélite também é conhecido como STR (*short tandem repeats*), porque as unidades de repetição são as mais curtas, entre 1 pb e 6 pb (Edwards e cols., 1991).

3.2 Polimorfismo de VNTRs e STRs

O número de cópias da unidade de repetição de um determinado loco de VNTR ou de STR pode diferir de um indivíduo para outro constituindo o que se chama – polimorfismo. Essa diferença no número de cópias da unidade de repetição de um dado loco é que determina e identifica os diferentes alelos, ou seja, o alelo 5 tem 5 cópias da unidade repetitiva, o alelo 6 tem 6 cópias e assim por diante.

Em 1985, as VNTRs passaram a ser utilizadas em estudos de identificação humana mas foi a partir de 1986 que os estudos intensificaram-se devido ao surgimento da técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR). A PCR permite a análise de pequenas quantidades de DNA (Robertson e cols., 1995) além de possibilitar que locos de STRs sejam co-amplificados em grupos de dois, três ou até mais que sete locos em um único tubo de reação pelo desenvolvimento de sistemas de amplificação denominados *multiplex* (Puers e cols., 1993), o que aumenta a velocidade de análise destes marcadores. Os produtos amplificados pela PCR podem ser separados uns dos outros e visualizados por eletroforese em gel de poliacrilamida, seguida por revelação com nitrato de prata. (Nakamura e cols., 1987 e Wong e cols., 1987)

Tanto as VNTRs quanto as STRs são sistemas bastante polimórficos e apresentam segregação mendeliana (Nakamura e cols., 1987 e Wong e cols., 1987) porém, os locos de STRs são menores e portanto de fácil visualização, apresentam maior velocidade de detecção dos alelos e alta sensibilidade (Edwards e cols., 1991). Estes marcadores, atualmente, são os mais utilizados tanto em identificação de indivíduos (Micka e cols., 1996) como para inferir sobre a história evolutiva de uma população (Pèrez-Lezaun e cols., 1997), no apoio ao diagnóstico de doenças (Nellmann e cols., 1994) e na avaliação do sucesso de transplante de medula óssea (Lins e cols., 1996).

Inúmeras populações já foram estudadas quanto ao polimorfismo de STRs. A seguir, serão apresentadas algumas considerações gerais sobre os cinco locos de STRs analisados no presente trabalho.

3.3 D5S818

D5S818 é uma STR do genoma humano localizada no cromossomo 5 (5q21-q31) e tem como unidade repetitiva o tetranucleotídio (AGAT)_n (GenBank acesso G08446). D5S818 possui dez alelos descritos na literatura (**Tabela 1**) que podem ser identificados através da PCR-PAGE fazendo uso do par de *primers*: 5'-GGGTGATTTTCCTCTTTGGT-3' e 5'-TGATTCCAATCATAGCCACA-3' , descrito por Jin e cols., 1997.

Tabela 1. Relação dos alelos identificados para o loco D5S818, tamanho dos fragmentos (pb) e unidade repetitiva amplificada.

Alelo	Tamanho do fragmento	Unidade repetitiva	Referência
7	133 bp	[AGAT] ₇	Lins e cols., 1998
8	137 bp	[AGAT] ₈	Lins e cols., 1998
9	141 bp	[AGAT] ₉	Lins e cols., 1998
10	145 bp	[AGAT] ₁₀	Lins e cols., 1998
11	149 bp	[AGAT] ₁₁	Lins e cols., 1998
12	153 bp	[AGAT] ₁₂	Lins e cols., 1998
13	157 bp	[AGAT] ₁₃	Lins e cols., 1998
14	161 bp	[AGAT] ₁₄	Lins e cols., 1998
15	165 bp	[AGAT] ₁₅	Lins e cols., 1998
16	169 bp	Não descrita	Profiler Plus

O polimorfismo de D5S818 já foi estudado em diferentes populações mundiais, as quais apresentam diferentes frequências alélicas (**Tabela 2**). Essas diferenças entre as frequências alélicas no mundo tem sido de grande valia para distinguir populações.

Observa-se, na Tabela 2, que nos continentes Europeu e Americano os alelos mais frequentes foram o 11 e o 12, enquanto que na Ásia foi o alelo 11, com exceção do Paquistão cujo alelo mais frequente foi o 12 e nas Filipinas o alelo 10. Na África, apenas o alelo 12 é muito frequente, já na Oceania o alelo 10 é o mais frequente.

Tabela 2. Relação das diferentes populações mundiais estudadas quanto ao loco D5S818, mostrando os alelos de maior e menor frequência.

População	Alelos mais frequentes	Alelos menos frequentes	Referências
Europa			
Alemanha	12 (0.3676)	7 (0.0005)	Mornhinweg e cols., 1998
Áustria	12 (0.3750)	14 e 15 (0.0090)	Nussbaumer e cols., 2001
Croácia	12 (0.3866)	8 (0.0009)	Martinovic e cols., 2000 e 2001
Espanha (Bascos)	11 (0.3595)	8 (0.0016)	Pérez-Lezaun e cols., 2000
Espanha (Ilhas Canárias)	12 (0.3732)	14 (0.0072)	Gamero e cols., 2000
Espanha (Leste)	12 (0.3770)	8 (0.0050)	Tomàs e cols., 2001
Espanha (Nordeste)	11 (0.4080)	8.2 e 9.2 (0.0030)	Zarrabeitia e cols., 2001
Espanha (Sudeste)	12 (0.3860)	9 e 14 (0.0220)	Tório e cols., 2002
Finlândia	12 (0.3860)	7 (0.0080)	Brenner e cols., 2000
Hungria	12 (0.3700)	8 (0.0020)	Egyed e cols., 2000
Itália	11 (0.3560)	8 (0.0040)	Garofano e cols., 1998
Itália (Região Central)	12 (0.3800)	8 e 15 (0.0030)	Ricci e cols., 2002
Polônia (Nordeste)	11 (0.3290)	8 (0.0040)	Pepinski e cols., 2001
Polônia (Sul)	12 (0.4012)	7 (0.0002)	Volańska-No wak e cols., 2001
Portugal	11 (0.3840)	15 (0.0030)	Geada e cols., 2000
Portugal (Açores)	11 (0.3740)	8 (0.0050)	Velosa e cols., 2002
Portugal (Norte)	12 (0.3740)	14 (0.0120)	Amorim e cols., 2001
Suíça	12 (0.3641)	7, 8 e 15 (0.0024)	Gehrig e cols., 1998
Turquia	12 (0.3520)	7 (0.0020)	Asicio glu e cols., 2002
América			
Ameríndios	12 (0.3490)	7 e 14 (0.0160)	Pérez-Lezaun e cols., 1997
Argentina	11 (0.4180)	8 (0.0040)	Miozzo e cols., 2003
Brasil	12 (0.3680)	15 (0.0020)	Grattaplagia e cols., 2001
Brasil (Amazonas)	11 (0.3850)	14 (0.0100)	Corte-Real e cols., 2000
Brasil (São Paulo)	11 (0.3938)	8 e 15 (0.0044)	Corte-Real e cols., 2000
Colômbia	11 (0.3980)	15 (0.0020)	Gómez e cols., 2000
EUA (Caucasianos)	11 (0.4002)	8 (0.0014)	Budo wle e cols., 1999
EUA (Negros)	12 (0.3419)	15 (0.0023)	Budo wle e cols., 1999
EUA (Hispanicos)	11 (0.3841)	8 (0.0048)	Budo wle e cols., 1999
Peru	11 (0.4600)	14 (0.0050)	Pérez e cols., 2003
Ásia			
China	11 (0.2810)	14 (0.0040)	Hou e cols., 2000
China (Nordeste)	11 (0.2960)	6 (0.0020)	Wang e cols., 2003
Coréia	11 (0.3120)	15 (0.0030)	Han e cols., 2001
Filipinas	10 (0.2880)	15 (0.0020)	Pu e cols., 1999
Índia	11 (0.3260)	15 (0.0030)	Mohammed e cols., 2001
Japão	11 (0.2900)	15 (0.0013)	Yoshida e cols., 2003
Paquistão	12 (0.3320)	9 (0.0030)	Mohammed e cols., 2001
Tailândia	11 (0.2850)	8 e 15 (0.0017)	Rerkamnuaychoke e cols., 2001
Tailândia	11 (0.3306)	15 (0.0020)	Chantratita e cols., 2001
África			
África (Norte)	12 (0.3376)	8 (0.0299)	Farfán e cols., 2001
África (Região Central)	12 (0.3561)	15 (0.0038)	Gamero e cols., 2000
Angola	12 (0.3529)	14 (0.0196)	Corte-Real e cols., 2000
Cabo Verde	12 (0.4011)	7 e 15 (0.0022)	Brenner e cols., 2000
Egito	12 (0.3320)	14 (0.004)	Klitschar e cols., 1999
Emirados Árabes	12 (0.3840)	8 (0.0130)	Mohammed e cols., 2001
Guiné-Bissau	12 (0.4050)	15 (0.0050)	Gonçalves e cols., 2002
Marrocos (Árabes)	12 (0.3290)	14 (0.0130)	Bosch e cols., 2001

Continuação da Tabela 2

População	Alelos mais frequentes	Alelos menos frequentes	Referências
Marrocos (Berberes)	12 (0.3440)	14 (0.0100)	Bosch e cols.,2001
Moçambique	12 (0.3500)	15 (0.0050)	Alves e cols., 2001
São Tomé e Príncipe	12 (0.4016)	14 (0.0246)	Corte-Real e cols., 2000
O ce ania			
Austrália (Aborígenes, Papua de Nova Guiné e Melanésios)	10 (0.3160)	9 e 14 (0.0500)	Pérez-Lezaun e cols., 1997

3.4 D3S1358

D3S1358 é uma STR do genoma humano localizada no cromossomo 3 (3p) e tem como unidade repetitiva a seqüência TCTA(TCTG)_n(TCTA)_n (GenBank acesso 11449919). Para este loco foram descritos dezessete alelos (**Tabela 3**). Este alelos podem ser identificados através da PCR fazendo uso do par de *primers*: 5'-ACT GCA GTC CAA TCT GGG T-3' e 5'-ATG AAA TCA ACA GAG GCT TG-3' descrito por Li e cols.,1993 e Perez-Lezaun e cols., 1997.

Tabela 3. Relação dos alelos identificados para o loco D3S1358, tamanho dos fragmentos (bp) e unidade repetitiva amplificada.

Alelo	Tamanho do fragmento	Unidade Repetitiva	Referência
8	99 bp	Não descrita	Gen Bank acesso 11449919
9	103 bp	Não descrita	Gen Bank acesso 11449919
10	107 bp	Não descrita	Gen Bank acesso 11449919
11	111 bp	Não descrita	Gen Bank acesso 11449919
12	115 bp	Não descrita	Gen Bank acesso 11449919
13	119 bp	TCTA[TCTG] ₂ [TCTA] ₁₀	Mornhinweg e cols.,1998
14	123 bp	TCTA[TCTG] ₂ [TCTA] ₁₁	Szibor e cols., 1998
15	127 bp	TCTA[TCTG] ₃ [TCTA] ₁₁	Szibor e cols., 1998
15.2	129 bp	Não descrita	Gen Bank acesso 11449919
16	131 bp	TCTA[TCTG] ₃ [TCTA] ₁₂	Szibor e cols., 1998
16.2	133 bp	Não descrita	Budowle e cols., 1997
17	135 bp	TCTA[TCTG] ₃ [TCTA] ₁₃	Szibor e cols., 1998
17.1	136 bp	Não descrita	Gen Bank acesso 11449919
18	139 bp	TCTA[TCTG] ₃ [TCTA] ₁₄	Szibor e cols., 1998
18.3	142 bp	Não descrita	Gen Bank acesso 11449919
19	143 bp	TCTA[TCTG] ₃ [TCTA] ₁₅	Mornhinweg e cols.,1998
20	147 bp	Não descrita	Mornhinweg e cols.,1998

A **Tabela 4** apresenta os alelos D3S1358 mais frequentes em diferentes populações mundiais. Observa-se que os alelos 15 e 16 são muito frequentes em todo o mundo e assim, não podem ser vistos como característicos de nenhuma população ou continente específico. Entretanto, este marcador é bastante informativo em populações onde o alelo mais freqüente não é nem o alelo 15, nem o alelo 16.

Tabela 4. Relação das diferentes populações mundiais estudadas quanto ao loco D3S1358, mostrando os alelos de maior e menor frequência.

População	Alelo mais freqüente	Alelo menos freqüente	Referências
Europa			
Áustria	15 (0.2424)	20 (0.0015)	Nussbaumer e cols., 2001
Croácia	16 (0.2954)	13 (0.0016)	Martinovic e cols., 2000 e 2001
Eslovênia	16 (0.2523)	13 (0.0031)	Drobnic e cols. 2001
Espanha	15 (0.2580)	12 (0.0014)	Pérez-Lezaun e cols., 2000
Espanha (Bascos)	15 (0.2990)	12 (0.0036)	Pérez-Lezaun e cols., 2000
Espanha (Ilhas Canárias)	16 (0.2427)	13 (0.0109)	Gamero e cols., 2000
Espanha (Leste)	16 (0.2850)	11 e 13 (0.0020)	Tomàs e cols., 2001
Espanha (Nordeste)	16 (0.2640)	12 e 19 (0.0030)	Zarrabeitia e cols., 2001
Espanha (Sudeste)	16 (0.2240)	13 (0.0130)	Tório e cols., 2002
Estônia	15 (0.3100)	18 (0.1100)	Aaspõllu e cols., 2000
Finlândia	15 (0.3780)	19 (0.0080)	Brenner e cols., 2000
França	15 (0.2696)	13 e 20 (0.0056)	Tofanelli e cols., 2001
Alemanha	15 (0.2566)	12 (0.0005)	Mornhinweg e cols., 1998
Grécia	16 (0.2598)	20 (0.0020)	Kondopoulou e cols., 1999
Hungria	15 (0.2470)	19 e 20 (0.0200)	Egyed e cols., 2000
Itália	15 (0.2870)	13 (0.0040)	Garofano e cols., 1998
Itália (Região Central)	16 (0.2660)	12 (0.0030)	Ricci e cols., 2002
Polônia (Nordeste)	15 (0.2480)	19 (0.0019)	Pepinski e cols., 2001
Polônia (Região Central)	17 (0.2275)	19 (0.0045)	Tucholska-Lenart e cols., 2002
Polônia (Região Central)	15 (0.2430)	11 (0.0010)	Kuzniar e cols., 2002
Polônia (Sul)	16 (0.2747)	12 (0.0020)	Volańska-Nowak e cols., 2001
Portugal	17 (0.2640)	13 (0.0030)	Geada e cols., 2000
Portugal (Açores)	16 (0.2550)	13 e 20 (0.0050)	Velosa e cols., 2002
Portugal (Norte)	15 (0.2890)	12 (0.0010)	Amorim e cols., 2001
Turquia	15 (0.2730)	12 (0.0020)	Asicioğlu e cols., 2002
Turquia	16 (0.3010)	13, 19 e 20 (0.0030)	Decorte e cols., 2000
América			
Ameríndios	15 (0.3660)	19 (0.0160)	Pérez-Lezaun e cols., 1997
Argentina	15 (0.3520)	12 e 13 (0.0020)	Miozzo e cols., 2003
Brasil	15 (0.2920)	11, 20 e 21 (0.0010)	Grattapaglia e cols., 2001
Brasil (Amazonas)	16 (0.3600)	13 e 19 (0.0050)	Corte-Real e cols., 2000
Brasil (São Paulo)	15 (0.2965)	19 (0.0133)	Corte-Real e cols., 2000
Bolívia	15 (0.6030)	18 e 19 (0.0040)	Gené e cols., 2000
Colômbia	15 (0.3920)	10, 12 e 20 (0.0010)	Gómez e cols., 2000
EUA (Negros)	16 (0.3800)	13 e 19 (0.0100)	Budo wle e cols., 1999
EUA (Caucasianos)	16 e 17 (0.2233)	11 (0.0033)	Budo wle e cols., 1999
Peru	15 (0.4850)	19 (0.0100)	Pérez e cols., 2003
Ásia			
Ásia	15 (0.4830)	18 (0.0160)	Pérez-Lezaun e cols., 1997
China	15 (0.3564)	12 e 20 (0.0008)	Hou e cols., 2000
China (Nordeste)	15 (0.4450)	12 e 20 (0.0020)	Wang e cols., 2003
Coréia	15 (0.3660)	12 (0.00310)	Han e cols., 2001
Filipinas	16 (0.3300)	19 (0.0040)	Pu e cols., 1999
Japão	15 (0.3996)	13, 20 e 21 (0.0003)	Yoshida e cols, 2003
Tailândia	16 (0.3300)	20 (0.0018)	Rerkamnuaychoke e cols., 2001
África			
África	15 (0.3330)	18 (0.0160)	Pérez-Lezaun e cols., 1997
África (Norte)	15 (0.2966)	13 e 19 (0.0042)	Farfán e cols., 2001
África (Norte)	15 (0.2966)	13 (0.0042)	Ahmed e cols., 2001
África (Região Central)	16 (0.3901)	19 (0.0076)	Gamero e cols., 2000

Continuação Tabela 4

População	Alelo mais freqüente	Alelo menos freqüente	Referências
Angola	15 (0.3186)	19 (0.0049)	Corte-Real e cols., 2000
Argélia	15 (0.2840)	14 (0.0230)	Bosch e cols., 2001
Cabo Verde	16 (0.3304)	12 e 19 (0.0022)	Brenner e cols., 2000
Camarões	15 (0.3040)	12 e 13 (0.0110)	Destro-Bisol e cols., 2000
Egito	15 (0.2960)	13 (0.0070)	Klitschar e cols., 1999
Guiné-Bissau	16 (0.3100)	12 e 19 (0.0050)	Gonçalves e cols., 2002
Guiné Equatorial	16 (0.3750)	13 (0.0030)	Huguet e cols., 2000
Marrocos (Árabes)	15 (0.3430)	20 (0.0090)	Bosch e cols., 2001
Marrocos (berberes)	16 (0.3300)	14 (0.0430)	Bosch e cols., 2001
Moçambique	16 (0.3780)	18 (0.0360)	Alves e cols., 2001
São Tomé e Príncipe	16 (0.3196)	14 e 20 (0.0082)	Corte-Real e cols., 2000
Zimbábue	16 (0.3610)	12 e 13 (0.0050)	Budo wle e cols., 1997
Oceania			
Austrália (Aborígenes, Papua de Nova Guiné e Melanésios)	16 (0.3620)	14 (0.0340)	Pérez-Lezaun e cols., 1997

3.5 D8S1179

D8S1179 é uma STR do genoma humano localizada no cromossomo 8 e tem como unidade repetitiva o tetranucleotídio (TCTA)_n (GenBank acesso G08710). Para este loco foram descritos treze alelos (**Tabela 5**). Estes alelos podem ser identificados através da PCR-PAGE fazendo uso do par de *primers*: 5' - TTTTGTATTTTCATGTGTACATTCG - 3' e 5' - CGTAGCTATAATTAGTTCATTTTCA - 3', descrito por Barber e cols., 1996.

Tabela 5. Relação dos alelos identificados para o loco D8S1179, tamanho dos fragmentos (pb) e unidade repetitiva amplificada.

Alelo	Tamanho do fragmento	Unidade repetitiva	Referência
7	157 bp	[TCTA] ₇	Griffiths e cols., 1998
8	161 bp	[TCTA] ₈	Barber e cols., 1996
9	165 bp	[TCTA] ₉	Barber e cols., 1996
10	169 bp	[TCTA] ₁₀	Barber e cols., 1996
11	173 bp	[TCTA] ₁₁	Barber e cols., 1996
12	177 bp	[TCTA] ₁₂	Barber e cols., 1996
13	181 bp	[TCTA] ₁ [TCTG] ₁ [TCTA] ₁₁	Barber e cols., 1996
14	185 bp	[TCTA] ₁ [TCTG] ₁ [TCTA] ₁₂	Barber e cols., 1996
15	189 bp	[TCTA] ₁ [TCTG] ₁ [TCTA] ₁₃	Barber e cols., 1996
16	193 bp	[TCTA] ₂ [TCTG] ₁ [TCTA] ₁₃	Barber e cols., 1996
17	197 bp	[TCTA] ₂ [TCTG] ₂ [TCTA] ₁₃	Barber e cols., 1996
18	201 bp	[TCTA] ₂ [TCTG] ₁ [TCTA] ₁₅	Barber e cols., 1996
19	205 bp	[TCTA] ₂ [TCTG] ₂ [TCTA] ₁₅	Griffiths e cols., 1998

Diferentes populações mundiais foram estudadas quanto ao polimorfismo do loco D8S1179, algumas delas sendo relacionadas na **Tabela 6**. Observa-se nesta tabela que na maioria das populações Européias, Asiáticas, Americanas e Australianas, o alelo mais freqüente foi o 13 (freqüência média de 0.3060) enquanto que nas populações Africanas o alelo mais freqüente foi o 14 (freqüência média 0.3337). Portanto, a análise do alelo mais freqüente do loco D8S1179, de maneira geral, parece ser útil na diferenciação das populações Africanas das populações não-Africanas.

Tabela 6. Relação das diferentes populações mundiais estudadas quanto ao loco D8S1179, mostrando os alelos de maior e menor freqüência.

População	Alelo mais freqüente	Alelo menos freqüente	Referência
Europa			

Alemanha	13 (0.3210)	18 (0.0010)	Momhinweg e cols., 1998
Eslovênia	13 (0.3115)	17 (0.0016)	Drobnic e cols. 2001
Espanha	13 (0.2914)	18 (0.0005)	Martín e cols., 1999
Espanha (Bascos)	14 (0.2900)	16 (0.0100)	Perez-Lezaun e cols., 2000
Espanha (Ilhas Canárias)	13 (0.2645)	8 (0.0072)	Gamero e cols., 2000
Espanha (Leste)	13 (0.3050)	7 (0.0020)	Tomàs e cols., 2001
Espanha (Nordeste)	13 (0.2740)	17 (0.0030)	Zarrabeitia e cols., 2001
Espanha (Sudeste)	13 (0.2890)	9 (0.0260)	Tório e cols., 2002
Finlândia	13 (0.4330)	9 e 17 (0.0080)	Brenner e cols., 2000
França	13 (0.3020)	17 e 18 (0.0200)	Tofanelli e cols., 2001
Hungria	13 (0.2870)	17 e 18 (0.0200)	Egyed e cols., 2000
Itália	13 (0.3000)	17 (0.0090)	Garofano e cols., 1998
Itália (Região Central)	13 (0.2960)	17 (0.0080)	Ricci e cols., 2002
Inglaterra	13 (0.3156)	17 (0.0043)	Phillips e cols., 1998
Polônia (Nordeste)	13 (0.3200)	8 e 17 (0.0050)	Pepinski e cols., 2001
Polônia (Região Central)	13 (0.3130)	8 e 17 (0.0022)	Tucholska-Lenart e cols., 2002
Polônia (Região Central)	13 (0.3260)	19 (0.0010)	Kuzniar e cols., 2002
Polônia (Sul)	13 (0.3656)	18 (0.0027)	Volańska-Nowak e cols., 2001
Portugal	13 (0.3390)	9 e 17 (0.0030)	Geada e cols., 2000
Portugal (Açores)	13 (0.2730)	8 e 17 (0.0050)	Velosa e cols., 2002
Portugal (Norte)	13 (0.3010)	17 (0.0010)	Amorim e cols., 2001
Suíça	13 (0.2694)	17 (0.0049)	Gerig e cols., 1998
Turquia	13 (0.2580)	17 (0.0080)	Asicioglu e cols., 2002
		América	
Argentina	13 (0.2540)	17 (0.0040)	Miozzo e cols., 2003
Bolívia	13 (0.3550)	17 (0.0040)	Gené e cols., 2000
Brasil	13 (0.2850)	17 (0.0050)	Grattaplagia e cols., 2001
Brasil (Amazonas)	13 (0.2550)	8 (0.0050)	Corte-Real e cols., 2000
Brasil (São Paulo)	13 (0.2920)	17 (0.0044)	Corte-Real e cols., 2000
EUA (Negros)	14 (0.3333)	9 (0.0056)	Budo wle e cols., 1999
EUA (Caucasianos)	13 (0.3213)	17 (0.0058)	Budo wle e cols., 1999
EUA (Hispanicos)	13 (0.3251)	9 (0.0025)	Budo wle e cols., 1999
Peru	13 (0.3150)	8 e 9 (0.0100)	Pérez e cols., 2003
		Ásia	
China	13 (0.2220)	18 (0.0040)	Hou e cols., 2000
China (Nordeste)	13 (0.3050)	8 (0.0030)	Wang e cols., 2003
Coréia	13 (0.2510)	9 (0.0020)	Han e cols., 2000
Japão	14 (0.2360)	9 (0.0049)	Yamamoto e cols., 1998
Tailândia	15 (0.1950)	18 (0.0033)	Rerkamnuaychoke e cols., 2001
		África	
África (Norte)	14 (0.2393)	18 (0.0043)	Farfán e cols., 2001
Angola	14 (0.3128)	17 (0.0049)	Corte-Real e cols., 2000
Cabo Verde	14 (0.3128)	18 (0.0042)	Brenner e cols., 2000
Egito	14 (0.2710)	8 (0.0040)	Klintschar e cols., 1999
Guiné-Bissau	14 (0.3350)	10 (0.0050)	Gonçalves e cols., 2002
Guiné Equatorial	14 (0.3864)	10 e 17 (0.0046)	Huguet e cols., 2000
Marrocos (Árabes)	14 (0.2590)	17 (0.0090)	Bosch e cols., 2001
Marrocos (berberes)	15 (0.2020)	8 (0.0110)	Bosch e cols., 2001
Moçambique	14 (0.3090)	10 e 17 (0.0140)	Alves e cols., 2001
São Tomé e Príncipe	14 (0.3032)	9 e 17 (0.0082)	Corte-Real e cols., 2000
		Oceania	
Austrália	13 (0.3591)	8, 9 e 16 (0.0070)	Wilson-Wilde e cols., 1997

3.6 D18S51

D18S51 é uma STR do genoma humano localizada no cromossomo 18 (18q21.3) e tem

como unidade repetitiva (AGAA)_n (GenBank acesso X91254). Para este loco foram descritos quarenta e dois alelos (**Tabela 7**). Estes alelos podem ser identificados através da PCR-PAGE fazendo uso do par de *primers*: 5'-CAA ACC CGA CTA CCA GCA AC-3' e 5'-GAG CCA TGT TCA TGC CAC TG-3', descrito por Barber e cols., 1996 e Urquhart e cols., 1995.

Tabela 7. Relação dos alelos identificados para o loco D18S51, tamanho dos fragmentos (pb) e unidade repetitiva amplificada.

Alelo	Tamanho do fragmento	Unidade Repetitiva	Referência
7	262 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
8	266 bp	[AGAA] ₈	Griffiths e cols., 1998
9	270 bp	[AGAA] ₉	Griffiths e cols., 1998
9.2	272 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
10	274 bp	[AGAA] ₁₀	Griffiths e cols., 1998
10.2	276 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
11	278 bp	[AGAA] ₁₁	Griffiths e cols., 1998
12	282 bp	[AGAA] ₁₂	Griffiths e cols., 1998
12.2	284 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
13	286 bp	[AGAA] ₁₃	Griffiths e cols., 1998
13.1	287 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
13.2	288 bp	[AGAA] ₁₃	Barber e cols., 1996
14	290 bp	[AGAA] ₁₄	Griffiths e cols., 1998
14.2	292 bp	[AGAA] ₁₄	Barber e cols., 1996
15	294 bp	[AGAA] ₁₅	Griffiths e cols., 1998
15.1	295 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
15.2	296 bp	[AGAA] ₁₅	Barber e cols., 1996
16	298 bp	[AGAA] ₁₆	Griffiths e cols., 1998
16.2	300 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
16.3	301 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
17	302 bp	[AGAA] ₁₇	Griffiths e cols., 1998
17.1	303 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
17.2	304 bp	[AGAA] ₁₇	Gill e cols., 1996
17.3	305 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
18	306 bp	[AGAA] ₁₈	Griffiths e cols., 1998
18.1	307 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
18.2	308 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
19	310 bp	[AGAA] ₁₉	Griffiths e cols., 1998
19.2	312 bp	[AGAA] ₁₉	Gill e cols., 1996
20	314 bp	[AGAA] ₂₀	Griffiths e cols., 1998
20.1	315 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
20.2	316 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
21	318 bp	[AGAA] ₂₁	Griffiths e cols., 1998
21.2	320 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
22	322 bp	[AGAA] ₂₂	Griffiths e cols., 1998
22.1	323 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
23	326 bp	[AGAA] ₂₃	Griffiths e cols., 1998
23.1	327 bp	Não descrita	GenBank acesso X91254
24	330 bp	[AGAA] ₂₄	Griffiths e cols., 1998
25	334 bp	[AGAA] ₂₅	Griffiths e cols., 1998
26	338 bp	[AGAA] ₂₆	Griffiths e cols., 1998
27	342 bp	[AGAA] ₂₇	Griffiths e cols., 1998

O polimorfismo de D18S51 também foi estudado em diferentes populações e algumas delas

estão descritas na **Tabela 8**. Observa-se que as populações geograficamente próximas apresentaram alelos mais freqüentes em comum, como por exemplo, entre as populações do Leste da Espanha, Portugal e Norte da África nas quais os alelos mais freqüentes foram 14 e 16. O mesmo acontece com populações mestiças em relação as suas populações ancestrais, por exemplo, entre os Brasileiros (que são provenientes da mistura racial entre Índios, Europeus e Africanos) as alelos mais freqüentes também foram o 14 e o 16, enquanto que entre Coreanos e Japoneses o alelo mais freqüente foi o 13 e nos Australianos foi o alelo 12.

Tabela 8. Relação das diferentes populações mundiais estudadas quanto ao loco D18S51, mostrando os alelos de maior e menor freqüência.

População	Alelo mais freqüente	Alelo menos freqüente	Referência
-----------	----------------------	-----------------------	------------

Europa

Alemanha	14 (0.1656)	<10 e 24 (0.0008)	Mornhinweg e cols., 1998
Eslovênia	14 (0.1729)	11 e 22 (0.0078)	Drobnic e cols. 2001
Espanha	15 (0.1620)	<10 (0.0011)	Martín e cols., 1999
Espanha (Bascos)	12 (0.2400)	19 e 21 (0.0200)	Pérez-Lezaun e cols., 2000
Espanha (Ilhas Canárias)	12 (0.1811)	9 e 22 (0.0072)	Gamero e cols., 2000
Espanha (Leste)	16 (0.1470)	22 (0.0020)	Tomàs e cols., 2001
Espanha (Sudeste)	15 (0.1890)	11 e 21 (0.0090)	Tório e cols., 2002
Espanha (Nordeste)	14 (0.1690)	9 e 19.2 (0.0030)	Zarrabeitia e cols., 2001
Hungria	14 (0.1700)	10 e 25 (0.0020)	Egyed e cols., 2000
Itália	12 (0.1880)	22 e 23 (0.0020)	Garofano e cols., 1998
Itália (Região Central)	14 (0.1790)	23 (0.0050)	Ricci e cols., 2002
Polônia (Nordeste)	15 (0.1900)	11 e 22 (0.0080)	Pepinski e cols., 2001
Polônia (Região Central)	16 (0.1757)	22 e 23 (0.0022)	Tucholska-Lenart e cols., 2002
Polônia (Região Central)	15 (0.1810)	9 e 24 (0.0010)	Kuzniar e cols., 2002
Polônia (Sul)	16 (0.1647)	24 e 25 (0.0020)	Volańska-No wak e cols., 2001
Portugal	16 (0.1920)	10 (0.0030)	Geada e cols., 2000
Portugal (Açores)	14 (0.2050)	11 e 21 (0.0050)	Velosa e cols., 2002
Portugal (Norte)	14 (0.1670)	23 (0.0010)	Amorim e cols., 2001
Turquia	14 (0.2150)	13.2 (0.002)	Asicio glu e cols., 2002
América			
Argentina	14 (0.1820)	21 (0.0060)	Miozzo e cols., 2003
Bolívia	13 e 14 (0.1970)	11 (0.005)	Gené e cols., 2000
Brasil	16 (0.1520)	9, 23 e 24 (0.0010)	Grattapaglia e cols., 2001
Brasil (Amazonas)	14 (0.2150)	11 e 21 (0.0100)	Corte-Real e cols., 2000
Brasil (São Paulo)	16 (0.1814)	21.2 e 23 (0.0044)	Corte-Real e cols., 2000
EUA (Negros)	15 (0.2100)	11 e 21 (0.0100)	Budowle e cols., 1999
EUA (Caucasóides)	14 (0.1680)	22, 23 e 26 (0.0030)	Budowle e cols., 1999
Peru	14 (0.2200)	10 e 21 (0.0050)	Pèrez e cols., 2003
Ásia			
China	14 (0.2150)	23 e 24 (0.0044)	Hou e cols., 2000
China (Nordeste)	14 (0.2180)	26 (0.0010)	Wang e cols., 2003
Coréia	13 (0.2480)	25 (0.0010)	Han e cols., 2000
Japão	13 (0.2051)	<10 (0.0011)	Yamamoto e cols, 1998
Tailândia	15 (0.2233)	11, 23 e 24 (0.0017)	Rerkamnuaychoke e cols., 2001
África			
África (Norte)	16 (0.2000)	10 e 11 (0.0174)	Farfán e cols., 2001
África (Região Central)	16 (0.2576)	13.2 e 23 (0.0038)	Gamero e cols., 2000
Angola	15 (0.2304)	23 (0.0049)	Corte-Real e cols., 2000
Cabo Verde	17 (0.2025)	<10, 15.2 e 23 (0.0022)	Brenner e cols., 2000
Egito	12 (0.2360)	20 (0.0040)	Klintschar e cols., 1999
Guiné-Bissau	17 (0.2200)	9, 10, 23 (0.0050)	Gonçalves e cols., 2002
Guiné Equatorial	16 (0.1707)	14.2 (0.0081)	Huguet e cols., 2000
Marrocos (Árabes)	16 (0.2310)	23 (0.0090)	Bosch e cols., 2001
Marrocos (berberes)	16 (0.1700)	11 e 22 (0.0110)	Bosch e cols., 2001
Moçambique	16 (0.2040)	<11, 12.2 e 23 (0.0050)	Alves e cols., 2001
São Tomé e Príncipe	16 (0.1804)	10, 12 e 22 (0.0164)	Corte-Real e cols., 2000
Oceania			
Austrália (Caucasóides)	12 (0.1762)	21 e 23 (0.0070)	Wilson-Wilde e cols., 1997

3.7 D21S11

D21S11 é uma STR do genoma humano localizada no cromossomo 21 e tem como unidade repetitiva os tetranucleotídios (TCTA)_n, (TCTG)_n (GenBank acesso M84567). Dentre os locos estudados neste trabalho, D21S11 é o mais polimórfico possuindo quarenta e quatro alelos já descritos na literatura (Tabela 9). Estes alelos podem ser identificados através da PCR-PAGE fazendo uso do par de *primers*: 5'-GTG AGT CAA TTC CCC AAG-3' e 5'-GTT GTA TTAGTC AAT GTT CTC C-3' descrito por Moller e cols., 1994 e Sharma e cols., 1992.

Tabela 9. Alelos identificados para o loco D21S11, tamanho dos fragmentos (bp) e unidade repetitiva amplificada.

Alelo	Tamanho do fragmento	Unidade Repetitiva	Referência
24	202 bp	[TCTA] ₄ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCATA [TCTA] ₆	Gri ffiths e cols., 1998
24.2	204 bp	[TCTA] ₄ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₈	Schwartz e cols., 1996
25	206 bp	[TCTA] ₄ [TCTG] ₃ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₀	Schwartz e cols., 1996
25.2	208 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₀	Gri ffiths e cols., 1998
26	210 bp	[TCTA] ₄ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₈	Moller e cols., 1994
26.1	211 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
26.2	212 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
27	214 bp	[TCTA] ₄ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₉	Moller e cols., 1994
27.2	216 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
27.3	217 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
28	218 bp	[TCTA] ₄ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₀	Moller e cols., 1994
28.2	220 bp	[TCTA] ₄ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₀	Gri ffiths e cols., 1998
28.3	221 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
29	222 bp	[TCTA] ₄ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₁	Moller e cols., 1994
29.1	223 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
29.2	224 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₅ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₀ TA TCTA	Zhou e cols., 1997
29.3	225 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
30	226 bp	[TCTA] ₆ [TCTG] ₅ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₁	Moller e cols., 1994
30.1	227 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
30.2	228 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₀ TA TCTA	Moller e cols., 1994
31	230 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₂	Gri ffiths e cols., 1998
31.1	231 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
31.2	232 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₁ TA TCTA	Moller e cols., 1994
31.3	233 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
32	234 bp	[TCTA] ₆ [TCTG] ₅ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₃	Moller e cols., 1994
32.1	235 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
32.2	236 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₂ TA TCTA	Moller e cols., 1994
32.3	237 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567
33	238 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₄	Zhou e cols., 1997
33.2	240 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₃ TA TCTA	Moller e cols., 1994
33.3	241 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₈ TCA [TCTA] ₂ TA TCTA	Brinkmann e cols., 1996
34	242 bp	[TCTA] ₁₀ [TCTG] ₅ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₁	Brinkmann e cols., 1996
34.2	244 bp	[TCTA] ₄ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₄ TA TCTA	Moller e cols., 1994
34.3	245 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₀ TCA [TCTA] ₄ TA TCTA	Brinkmann e cols., 1996
35	246 bp	[TCTA] ₁₁ [TCTG] ₅ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₁	Brinkmann e cols., 1996
35.1	247 bp	Não descrita	GenB ank acesso M84567

35.2	248 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₅ TA TCTA	Zhou e cols., 1997
35.3	249 bp	Não descrita	GenBank acesso M84567
36	250 bp	[TCTA] ₁₀ [TCTG] ₅ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₃	Brinkmann e cols., 1996
36.2	252 bp	[TCTA] ₅ [TCTG] ₆ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₆ TA TCTA	Zhou e cols., 1997
36.3	253 bp	Não descrita	GenBank acesso M84567
37	254 bp	[TCTA] ₉ [TCTG] ₁₁ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₂	Brinkmann e cols., 1996
37.2	256 bp	Não descrita	GenBank acesso M84567
38	258 bp	[TCTA] ₉ [TCTG] ₁₁ [TCTA] ₃ TA [TCTA] ₃ TCA [TCTA] ₂ TCCA TA [TCTA] ₁₃	Brinkmann e cols., 1996

Diferentes populações mundiais foram estudadas quanto ao polimorfismo do loco D21S11 e algumas delas estão apresentadas na **Tabela 10**. Como pode ser observado nesta tabela, nas populações Européias, Asiáticas, Americanas e na Oceania os alelos mais frequentes foram o 29 e o 30. Já entre Negros (dos EUA e África) houve predominância do alelo 28, indicando que os alelos mais frequentes do loco D21S11 podem ser úteis na diferenciação de populações Negras das populações não-Negras.

Tabela 10. Relação das diferentes populações mundiais estudadas quanto ao loco D21S11, mostrando os alelos de maior e menor frequência.

População	Alelo mais freqüente	Alelo menos freqüente	Referências
Europa			
Alemanha	30 (0.2424)	24.2 (0.0001)	Mornhinweg e cols., 1998
Áustria	30 (0.2566)	25 e 35.2 (0.0012)	Nussbaumer e cols., 2001
Eslovênia	30 (0.2056)	29.2 (0.0015)	Drobnic e cols. 2001
Espanha	30 (0.2585)	26 (0.0010)	Martín e cols., 1999
Espanha (B ascos)	29 (0.3000)	27 (0.0100)	Pérez-Lezaun e cols., 2000
Espanha (Ilhas Canárias)	30 (0.2826)	27 e 33 (0.0072)	Gamero e cols., 2000

Espanha (Leste)	30 (0.2530)	24.2 e 34 (0.0020)	Tomàs e cols., 2001
Espanha (Nordeste)	30 (0.2410)	26, 27 e 28.2 (0.0030)	Zarrabeitia e cols., 2001
Espanha (Sudeste)	29 (0.2980)	26, 32, 34 e 35 (0.0040)	Tório e cols., 2002
Finlândia	30 (0.2750)	33 e 34.2 (0.0030)	Brenner e cols., 2000
França	30 (0.2440)	24.2,26,26.2 e 35.2 (0.0020)	Tofanelli e cols., 2001
Grécia	29 (0.5550)	29.2 (0.0046)	Kondopoulou e cols., 1999
Holanda	30 (0.2732)	33 e 35 (0.0024)	Ovington e cols., 1997
Hungria	30 (0.2239)	29.2 (0.0013)	Egyed e cols., 2000
Inglaterra	30 (0.2610)	24.2 e 25.2 (0.0007)	Phillips e cols., 1998
Itália	30 (0.2490)	24.2, 26,28.2 e 34 (0.0002)	Garofano e cols., 1998
Itália (Região Central)	30 (0.2310)	23.2, 26 e 35.2 (0.0030)	Ricci e cols., 2002
Polônia (Nordeste)	30 (0.2300)	34.2 (0.0160)	Pepinski e cols., 2001
Polônia (Região Central)	30 (0.2342)	34.2 (0.0022)	Tucholska-Lenart e cols., 2002
Polônia (Região Central)	30 (0.2330)	26, 28.2 e 29.2 (0.0010)	Kuzniar e cols., 2002
Polônia (Sul)	30 (0.2619)	36 (0.0011)	Volańska-Nowak e cols., 2001
Portugal	29 e 30 (0.2810)	25.2 e 27 (0.0030)	Gead e cols., 2000
Portugal (Açores)	30 (0.2480)	33 e 35 (0.0050)	Velosa e cols., 2002
Portugal (Norte)	30 (0.2390)	25, 26 e 29.2 (0.0010)	Amorim e cols., 2001
Romênia	29 (0.2647)	33 (0.0019)	Huckenbeck e cols., 2001
Turquia	29 (0.2480)	36 (0.0020)	Ascioglu e cols., 2002
Turquia	30 (0.2077)	25.2 (0.0008)	Decorte e cols., 2000
América			
Argentina	30 (0.2540)	24.2 e 33 (0.0020)	Miozzo e cols., 2003
Brasil	30 (0.2530)	25, 26 e 29,2 (0.0010)	Grattaplagia e cols., 2001
Brasil (Amazonas)	29 (0.2550)	24.2 e 32 (0.0050)	Corte-Real e cols., 2000
Brasil (São Paulo)	30 (0.2301)	29.2 e 33 (0.0044)	Corte-Real e cols., 2000
Colômbia	30 (0.3167)	33 e 34.2 (0.0033)	Gómez e cols., 2000
EUA (Caucasianos)	30 (0.2533)	29.2 (0.0033)	Budowle e cols., 1999
EUA (Negros)	28 (0.2500)	32 e 33 (0.0100)	Budowle e cols., 1999
Peru	30 (0.1950)	26, 32 e 34.2 (0.0050)	Pèrez e cols., 2003
Ásia			
China	29 (0.3032)	29.2 (0.0014)	Hou e cols., 2000
China (Nordeste)	30 (0.2280)	29.2 (0.0020)	Wang e cols., 2003
Coréia	30 (0.3710)	27 (0.0020)	Han e cols., 2000
Japão	30 (0.3261)	26 (0.0005)	Yamamoto e cols., 1998
Tailândia	29 (0.2883)	27 e 29.2 (0.0017)	Rerkamnuaychoke e cols., 2001
África			
África (Norte)	29 (0.2436)	25.2, 35 e 36 (0.0043)	Farfán e cols., 2001
Angola	28 (0.2451)	26 (0.0049)	Corte-Real e cols., 2000
Cabo Verde	29 (0.2139)	36 (0.0021)	Brenner e cols., 2000
Egito	29 (0.3250)	25, 33, 34 e 34.2 (0.0040)	Klitschar e cols., 1999
Continuação Tabela 10			
População	Alelo mais frequente	Alelo menos frequente	Referências
Guiné-Bissau	30 (0.2000)	33 e 36 (0.0050)	Gonçalves e cols., 2002
Marrocos (Árabes)	30 (0.2310)	26, 29.2 e 34 (0.0090)	Bosch e cols., 2001
Marrocos (berberes)	29 e 30 (0.2340)	32, 35 e 35.2 (0.0110)	Bosch e cols., 2001
Moçambique	28 (0.2630)	32, 33.1, 34 e 36 (0.0050)	Alves e cols., 2001
São Tomé e Príncipe	28 (0.2376)	34.2 (0.0082)	Corte-Real e cols., 2000
Oceania			
Austrália	29 (0.2536)	24, 27 e 35 (0.0070)	Wilson-Wilde e cols., 1997
Austrália (Aborígenes)	29 (0.3070)	32 (0.0060)	Brinkmann e cols., 1998

Austrália (Caucasianos)	29 (0.2570)	24.2 e 35.2 (0.0069)	Wilson-Wilde e cols., 1997
Nova Guiné	29 (0.2860)	27 e 29.2 (0.0040)	Brinkmann e cols., 1998

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Aaspõllu, A., Sumeri, I., Kelve, M. (2000) Allele distribution at nine STR loci - D3S1358, vWA, FGA, TH01, TPOX, CSF1PO, D5S818, D13S317 and D7S820 - in the Estonian population. *Progr. Forensic Genet.* 8: 129-131

Ahmed, A., Linacre, A.M.T., Mohammed, A.A.A., Vanezis, P., Goodwin, W. (2001) STR

- population data for 10 STR loci including the GenePrint™ PowerPlex™ 1.2 kit from El-Minia (Central Egypt). *Forensic Sci. Int.* 117: 233-234
- Alves, C., Gusmão, L., Amorim, A.** (2001) STR data (AmpF/STR Profiler Plus and GenePrint CTTv) from Mozambique. *Forensic Sci. Int.* 119: 131-133
- Amorim, A., Gusmão, L., Alves, C.** (2001) STR data (AmpF/STR Profiler Plus) from north Portugal. *Forensic Sci. Int.* 115: 119-121
- Asicioglu, F., Akyüz, F., Çetinkaia, Ü., Özbek, U** (2002) Allele distribution data of nine short tandem repeat loci for Turkish population: D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317, D7S820. *Forensic Sci. Int.* 129: 75-77
- Barber, M.D. and Parkin, B.H.** (1996) Sequence analysis and allelic designation of the two short tandem repeat loci D18S51 and D8S1179. *Int. J. Leg. Med.* 109: 62-65.
- Bosch, E., Clarimón, J., Pérez-Lezaun, A., Calafell, F.** (2001) STR data for 21 loci in northwestern Africa. *Forensic Sci. Int.* 116: 41-51
- Brenner, C.H.** (2000) Summary of polymorphic STR allele frequencies and Y chromosome haplotype frequencies. *Progr. Forensic Genet.* 8: 109-125
- Brinkmann, B., Junge, A., Meyer, E., Wiegand, P.** (1998) Population genetic diversity in relation to microsatellite heterogeneity. *Hum. Mutat.* 11: 135-144
- Browater, R.P., Wells, R.D.** (2000). The intrinsically unstable life of DNA triplet repeats associated with human hereditary disorders. *Prog. Nucleic Acid Res. Mol. Biol.* 66:159-202.
- Brown, T.A.** (1999). *Genética: Um enfoque molecular*. Rio de Janeiro, Editora Guanabara Koogan S.A., Terceira Edição, p204-205.
- Budowle, B., Moretti, T.R., Baumstark, A.L., Defenbaugh, D.A., Keys, K.M.** (1999) Population data on the thirteen CODIS Core Short Tandem Repeat Loci in African

Americans, U.S.: Caucasians, Hispanics, Bahamians, Jamaicans, and Trinidadians. *J. Forensic Sci.* 44: 1277-1286

Budowle, B., Nhari, L.T., Moretti, T.R., Kanoyangwa, S.B., Masuka, E., Defenbaugh, D.A., Smerick, J.B. (1997) Zimbabwe black population data on the six short tandem repeat loci - CSF1PO, TPOX, TH01, D3S1358, VWA, and FGA. *Forens. Sci. Int.* 90: 215-221

Chantratita, W., Rerkamnuaychoke, B., Jomsawat, U., Thanakitgosate, J., Ruangvithayanon, T., Rojanasunan, P. (2001) Thai population data on nine tetrameric STR loci - D3S1358, vWA, FGA, TH01, TPOX, CSF1PO, D5S818, D13S317 and D7S820. *Forensic Sci. Int.* 115: 113-115

Corte-Real, F., Andrade, L., Carvalho, M., Anjos, M.J., Gamero, J., Vieira, D.N., Carracedo, A., Vide, M.C. (2000) Comparative analysis of STR data for Portuguese spoken countries. *Progr. Forensic Genet.* 8: 212-214

Decorte, R., Müslümanoglu, M.H., Mahieu, F., Gilissen, A., Cilinger, O., Ataman, C., Artan, S., Xiao, F.-X., Basaran, N., Cassiman, J.-J. (2000) STR (autosomal and Y-chromosomal) analysis reveals geographic differences in the Turkish population. *Progr. Forensic Genet.* 8: 215-217.

Destro-Bisol, G., Boschi, I., Caglià, A., Tofanelli, S., Pascali, V., Paoli, G., Spedini, G. (2000) Microsatellite Variation in Central Africa: An analysis of intrapopulation and interpopulation genetic diversity. *American J. Phys. Anthropology* 112: 319-337

Drobnic, K., Regent, A., Budowle, B. (2001) STR data for the AmpFISTR SGM *plus* from Slovenia. *Forensic Sci. Int.* 1151: 107-109

Edwards, A., Civitello, A., Hammond, H.A., Caskey, C.T. (1991). DNA Typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats. *Am. J. Hum. Genet.* 49,746-756.

Egyed, B., Füredi, S., Angyal, M., Boutrand, L., Vandenberghe, A., Woller, J., Pádár, Z. (2000) Analysis of eight STR loci in two Hungarian populations. *Int. J. Legal Med.* 113: 272-275

Farfán, M. J., Prieto, V., Torres, Y., López- Souto, M., Sanz, P. (2001) STR data for the

AmpF/STR Profiler Plus and COfiler Loci from the Maghreb (North Africa). *Forensic Sci. Int.* 121: 199-200

Frégeau, C.J., Tan-Siew, W.F., Yap, K.H., Carmody, G.R., Chow, S.T., Fourney, R.M. (1998) Population genetic characteristics of the STR loci D21S11 and FGA in eight diverse human populations. *Hum. Biol.* 70: 813-844

Gamero, J.J., Romero, J.L., Arufe, M.I., Suarez, J., Cuesta, M.I., Carvalho, M., Anjos, M.J., Corte-Real, F., Vieira, D.N., Vide, M.C. (2000) Analysis of allele distribution for nine short tandem repeat loci in autochthonous Canary Islands and immigrant Central West African populations. *Progr. Forensic Genet.* 8: 224-226

Gamero, J.J., Romero, J.L., Gonzáles, J., L., Arufe, M., I., Cuesta, M., I., Corte-Real, F., Carvalho, M., Anjos, M., J., Vieira, D., N., Vide, M., C. (2000) A study on ten short tandem repeat systems: African immigrant and Spanish population data. *Forensic Sci. Int.* 110: 167-177

Garofano, L., Pizzamiglio, M., Vecchio, C., Lago, G., Floris, T., D'Errico, D., Brembilla, G., Romano, A., Budowle, B. (1998) Italian population data on thirteen short tandem repeat loci: HUMTH01, D21S11, D18S51, HUMVWAF31, HUMFIBRA, D8S1179, HUMTPOX, HUMCSF1PO, D16S539, D7S820, D13S317, D5S818, D3S1358. *Forensic. Sci. Int.* 97: 53-60.

Geadá, H., Brito, R., Ribeiro, T., Espinheira, R. (2000) Portuguese population and paternity investigation studies with a multiplex PCR- The AmpFISTR® Profile Plus™. *Forensic. Sci. Int.* 108: 31-37.

Gené, M., Moreno, P., Borrego, N., Piqué, E., Xifró, A., Fuentes, M., Bert, F., Corella, A., Pérez-Pérez, A., Turbón, D., Corbella, J., Huguet, E. (2000) Population study of Aymara Amerindians for the PCR-DNA polymorphisms HUMTH01, HUMVWA31A, D3S1358, D8S1179, D18S51, D19S253, YNZ22 and HLA-DQ α . *Int. J. Legal Med.* 113: 126-128.

GeneBank (2003). Home Page at <http://www3.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/index.html>

- Gill, P., Urquhart, A., Millican, E.S., Oldroyd, N.J., Watson, S., Sparkes, R. and Kimpton, C.P.** (1996) A new method of STR interpretation using inferential logic--development of a criminal intelligence database. *Int. J. Legal Med.* 109: 14-22.
- Giondo, Y., Okada,T., Matsuyama,N., Yanagisawa,Y., Ikeda,J.E.** (1998). Human megasatellite DNA RS447: copy-number polymorphisms and interspecies conservation. *Genomics*, 54:39-49.
- Gómez, M.V., Reyes, M.E., Mejía, D.F., Cárdenas, H.** (2000) Genetic variation at 9 STR loci in a southwestern Colombian population. *Progr. Forensic Genet.* 8: 251-253.
- Gonçalves, R., Jesus J., Fernandes, A., T., Brehm, A.** (2002) Genetic profile of a multi-ethnic population from Guiné-Bissau (west African coast) using the new PowerPlex® 16 System kit. *Forensic Sci. Int.* 129: 78-80
- Grattapaglia, D., Schmidt, A.B., Costa e Silva, C., Stringher, C., Fernandes, A.P., Ferreira, M.E.** (2001) Brazilian population database for the 13 STR loci of the AmpF/STR® Profiler Plus™ and Cofiler™ multiplex kits. *Forensic Sci. Int.* 118: 91-94
- Griffiths, R.A.L., Barber, M.D., Johnson, P.E., Gillbard, S.M., Haywood, M.D., Smith, C.D., Arnold, J., Burke, T., Urquhart, A., and Gill, P.** (1998) New reference allelic ladders to improve allelic designation in a multiplex STR system. *Int. J. Legal Med.* 111(5):267-272.
- Han, G. R., Lee, Y.-W., Lee, H.-L., Kim, S.-M., Ku, T.-W., Kang I.-H., Lee, H.-S., Hwang, J.-J.** (2000) A Korean population study of the nine STR loci FGA, VWA, D3S1358, D18S51, D21S11, D8S1179, D7S820, D13S317 and D5S818. *Int. J. Legal Med.* 114:41-44
- Han, M, S., Kang, P., W., Choi, D., H., Lee, Y., H., Choi, S., K., Yoon, S., R., Shin, D., J., Kim, J., M., Jin, H., J., Kwak, K., D., Kim, W.,** (2001) Korean population genetic data for eleven STR loci. *Forensic Sci. Int.* 123: 230-231.
- Hou, Y., Li, Y., Wu, J., Tang, J., Prinz, M.** (2000) Polymorphisms of 13 STR markers in

Chinese population. *Progr. Forensic Genet.* 8: 242-244

Huckenbeck, W., Scheil, H-G., Schmidt, H.D., Efremovska, L., Xirotiris, N. (2001) Population genetic studies in the Balkans. II. DNA-STR-systems. *Anthrop. Anz.* 59: 213-225

Huguet, E., Borrego, N., Pique, E., Brandt, C., Mas, J., Luna, M., Corbella, J., Moreno, P., Gene, M. (2000) Bubi population (Equatorial Guinea) characterised by D3S1358, D8S1179, D18S51 and D19S253 STR-PCR polymorphisms. *Progr. Forensic genet.* 8: 233-235

Jin, L., Underhill, P.A., Buoncristiani, M.R., and Robertson, J.M. (1997) Defining microsatellite alleles by genotyping global indigenous human populations and non-human primates. *J. Forensic Sci.* 42(3):496-499.

Klitschar, M., Al-Hammadi, N., Reichenpfader, B. (1999) Population genetic studies on the tetrameric short tandem repeat loci D3S1358, VWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317 and D7S820 in Egypt. *Forensic Sci. Int.* 104: 23-31.

Kondopoulou, H., Loftus, R., Kouvatsi, A., Triantaphyllidis, C. (1999) Genetic structure in 5 Greek population samples using 12 highly polymorphic DNA loci. *Hum. Biol.* 71: 27-42

Kuzniar, P., Soltyszewski, I., Plowski, R. (2002) Populations Genetic of 10 STR loci in population of Central Poland. *Forensic Sci. Int.* 130: 55-57.

Li, H., Schmidt, L., Wei, M-H., Hustad, T., Lerman, M.I., Zbar, B. and Tory, K. (1993) Three tetranucleotide polymorphisms for loci: D3S1352, D3S1358, D3S1359. *Hum. Mol. Genet.* 2: 1327

Lins, A.M., Sprecher, C.J., Puers, C., Schumm, W. (1996). Multiplex sets for the amplification of polymorphic short tandem repeat loci-silver stain and fluorescence detection. *Biotechniques* 20:882-889.

Lins, A.M., Micka, K.A., Sprecher, C.J., Taylor, J.A., Bacher, J.W., Rabbach, D., Bever, R.A., Creacy, S., and Schumm, J.W. (1998) Development and population study of an eight-

locus short tandem repeat (STR) multiplex system. *J. Forensic Sci.* 43(6):1168-1180.

Martín, P., García, O., Albarrán, C., García, P., Sancho, M., Alonso, A. (1999) Spanish population data on the four STR loci D8S1179, D16S539, D18S51 and D21S11. *Int. J. Legal Med.* 112: 340-341

Martinovic Klaric, I., Barac, L., Bukovic, D., Furac, I., Geber, G., Janicijevic, B., Kubat, M., Pericic, M., Vidovic, B., Rudan, P. (2000) STR polymorphisms in the population of the island of Brac, Croatia. *HOMO* 51:141-150

Martinovic Klaric, I., Barac, L., Bukovic, D., Furac, I., Geber, G., Janicijevic, B., Kubat, M., Pericic, M., Vidovic Pucic, B., Rudan, P. (2001) Short tandem repeat (STR) variation in eight village populations of the island of Korcula (Croatia). *Ann. Hum. Biol.* 28: 281-294

Mattioli, S.R. (2001). *Biologia Molecular e Evolução*. Ribeirão Preto: Holos Editora.202p

Micka, K.A., Sprecher, C.J., Lins, A.M., Comey, C.T., Koons, B.W., Crouse, C., Endean, D., Pirelli, K., Lee, S.B., Duda, N., Ma, M., Schumm, J.W. (1996). Validation of multiplex polymorphism STR amplification sets developed for personal identification applications. *J. Forensic Sci.* 41:582-590.

Miozzo, M., C., Pacharoni, C., M., Mutal, S., A., Maxzud, M., K., Casanova, A., E., Modesti, M., N. (2003) STRs data for the loci D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317 and D7S820 from Córdoba (Argentina) *Forensic Sci. Int.* 131:214-217

Mohammed, A.A.A., Linacre, A.M.T., Vanezis, P., Goodwin, W. (2001) STR data for the GenePrint™ PowerPlex™ 1.2 system loci from three United Arab Emirates populations. *Forensic Sci. Int.* 119:328-329

Moller, A., Meyer, E. and Brinkmann, B. (1994) Different types of structural variation in

- STRs: HumFES/FPS, HumVWA, and HumD21S11. *Int. J. Leg. Med.* 106: 319-323.
- Mornhinweg, E., Luckenbach, C., Fimmers, R., Ritter, H.** (1998) D3S1358: Sequence analysis and gene frequency in a German population. *Forensic Sci. Int.* 95: 173-178
- Nakamura, Y., Leppert, M., O'Connell, P., Wolff, R., Holm, T., Culver, M., Maritin, C., Fujimoto, E., Holff, M., Kumlin, E., White, R.** (1987). *Science*, 235, 1616-1622.
- Nellmann, L.J., Miller, A., Morling, N.** (1994) PCR typing of DNA fragments of the short tandem repeat (STR) system HUMTH01 in Danes and Greenland Eskimos. *Forensic Sci. Int.* 68:45-51.
- Nussbaumer, C., Hanslik, S., Fichtinger, M., Bauer, G.** (2001) STR data for the AmPFI STR SGM plus from a regional population of Austria. *Forensic Sci. Int.* 122: 181-183
- Ovington, A., Daselaar, P., Sjerps, M., Kloosterman, A.** (1997) A Dutch population study of the STR loci D21S11 und HumFIBRA. *Int. J. Legal Med.* 110: 14-17
- Pepinski, W., Janica, J., Skawronska, M., Niemcunowczi-Janica, A., Soltyszewski, I.** (2001) Population genetics of 15 STR loci in the population of Podlasie (NE Poland). *Forensic Sci. Int.* 124: 226-227.
- Pérez, L., Hau, J., Izarra, F., Ochoa, O., Zubiate, U., García, O.** (2003) Alleles frequencies for the 13 CODIS STR loci in Peru. *Forensic Sci. Int.* 132: 164-165.
- Perez-Lezaun, A., Calafell, F., Mateu, E., Comas, D., Bosch, E., and Bertranpetit, J.** (1997) Allele Frequencies for 20 microsatellites in a worldwide population survey. *Hum. Hered.* 47:189-196.
- Pérez-Lezaun, A., Calafell, F., Clarimón, J., Bosch, E., Mateu, E., Gusmão, L., Amorim, A., Benchensi, N., Bertranpetit, J.** (2000) Allele frequencies of 13 short tandem repeats in population samples from the Iberian Peninsula and Northern Africa. *Int. J. Legal Med.* 113: 208-214
- Phillips, C.P., Syndercombe Court, D., Tamaki, N.** (1998) UK Caucasian databases for the

- short tandem repeat loci D21S11, HUMFIBRA (FGA) and D8S1179. *Progr. Forensic Genet.* 7: 398-400
- Pu, C.-E., H. C.-M., Chen, M.-Y., Wu, F.-C., Sun, C.-F.** (1999) Genetic variation at nine STR loci in populations from the Philippines and Thailand living in Taiwan. *Forensic Sci. Int.* 106: 1-6.
- Puers, C., Hammond, H. A., Jin, L., Caskey, C.T., Schumm, J.W.** (1993). Identification of repeat sequence heterogeneity at the polymorphic short tandem repeat locus HUMTH01 [AATG]_n and reassignment of allele in population analysis by using a locus-specific allelic ladder. *Am. J. Hum. Genet.* 53:953-958.
- Rerkamnuaychoke, B., Chantratita, W., Jomsawat, U., Thanakitgosate, J., Ruangvithayanon, T., Rojanasunan, P.** (2001) Database of nine tetrameric STR loci - D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S818, D13S317 and D7S820 in Thai population. *Forensic Sci. Int.* 119: 123-125
- Ricci, U., Sani, I., Giunti, L., Guarducci, S., Coviello, S., Uzielli, M., L., G.** (2002) Analysis of 13 tetrameric short tandem repeat loci in a population of Tuscany (Central Italy) performed by means of an automated infrared sequencer. *Forensic Sci. Int.* 125: 83-85
- Robertson, J. B., Sgueglia, J. B., Badger, C., A., Juston, A., C., Ballantyne, J.** (1995). Forensic applications of a rapid, sensitive, and precise multiplex analysis of the four short tandem repeat loci HUMVWF31/A, HUMTH01, HUMF13A1, and HUMFES/FPS. *Electrophoresis*, 16, 1568-1576.
- Schwartz, D.W.M., Dauber, E.M., Glock, B. and Mayr, W.R.** (1996) AMPFLP-typing of the D21S11 microsatellite polymorphism: allele frequencies and sequencing data in the Austrian population. *Advances in Forensic Haemogenetics*. Volume 6, pp. 622-625.
- Sharma, V. and Litt, M.** (1992) Tetranucleotide repeat polymorphism at the D21S11 locus.

- Szibor, R., Lautsch, S., Plate, I., Bender, K., and Krause, D.** (1998) Population genetic data of the STR HUMD3S1358 in two regions of Germany. *Int. J. Legal Med.* 111(3):160-161.
- Tofanelli, S., Taglioli, L., Varesi, L., Paoli, G.** (2001) The STR-based genetic profile of the population from Corsica island (France). *Forensic Sci. Int.* 123: 33-38
- Tomàs, C., Picornell, A., Castro, J., A., Misericòrdia, M.** (2001) STR data for the AmpFISTR profiler plus loci from Majorcan, Minorcan and Valencian populations (Eastern Spain). *Forensic Sci. Int.* 121: 201-204
- Torìo A., Moya-Quiles, M., R., Luna, A., Álvarez-López, M., R.** (2002) STR data for the AmpFISTR Profiler Plus Loci from Murcia region (SE Spain) *Forensic Sci. Int.* 129: 140-141.
- Tucholska-Lenart, A., Wujec, J., Samborski, J., Jakubowska, E., G.** (2002) Allele frequencies for 10 STR loci in a population from central Poland. *Forensic Sci. Int.* 129: 131-133.
- Urquhart, A., Oldroyd, N.J., Kimpton, C.P. and Gill, P.** (1995) Highly discriminating heptaplex short tandem repeat PCR system for forensic identification. *BioTechniques* 18: 116-121.
- Velosa, R., G., Fernandes, A., T., Brehm, A.,** (2002) Genetic profile of the Açores Archipelago population using the new PowerPlex®16 System Kit. *Forensic Sci. Int.* 129: 68-71
- Volańska-Nowak, P., Branicki, W., Kupiec, T.** (2001) STR data for AmpFISTR Profile Plus loci in South Poland. *Forensic Sci. Int.* 122: 173-174.
- Wang, X., Sawaguchi, T., Sawaguchi, A.** (2003) Analysis of STR polymorphisms in the northeast Chinese population. *Forensic Sci. Int.* 132: 161-163

- Weber, J. L., May P. E.** (1989). Abundant Class of Human DNA Polymorphism Which Can Be Typed Using the Polimerase Chain Reaction. *Am. J. Hum. Genet.* 44: 388-396.
- Wilson-Wilde, L.M, van Oorschot, R.A.H, Mitchell, R.J.** (1997) Genetic diversity at six short tandem repeat loci within the state of Victoria, Australia. *Electrophoresis* 18: 1592-1597.
- Yamamoto, T., Uchihi, R., Nozawa, H., Huang, XL., Leong, YK., Tanaka, M., Mizutani, M., Tamaki, K., Katsumata, Y.** (1998) Polymorphism analysis of nine STR loci in Japanese using multiplex PCR and capillary electrophoresis. *Progr. Forensic Genet.* 7: 390-391.
- Yoshida, K., Mizuno, N., Fujii, K., Senju, H., Sekiguchi, K., Kasai, K., Sato, H.** (2003) Japanese population database for nine STR loci of the AmpFISTR Profiler kit. *Forensic Sci. Int.* 132:166-167.
- Zarrabeitia, M., T., Riancho, J., A.,** (2001) Population data on nine STRs from Catanbria, mountainous region in northern Spain. *Forensic Sci. Int.* 122: 175-177.
- Zhou, H.G., Sato, K., Nishimaki, Y., Fang, L., and Hasekura, H.** (1997) The HumD21S11 system of short tandem repeat DNA polymorphisms in Japanese and Chinese. *Forensic Sci. Int.* 86(1-2):109-188.

5. ARTIGO

Artigo a ser submetido
à revista *Forensic Science International*

**ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO DE PERNAMBUCO - NORDESTE
DO BRASIL BASEADA EM 5 LOCOS DE STRs.**

Resumo

154 indivíduos não relacionados da população do Estado de Pernambuco (Nordeste do Brasil) foram estudados quanto ao polimorfismo de cinco locos de *short tandem repeats* (STR). A metodologia usada foi PCR-PAGE seguida de coloração com nitrato de prata. Os alelos mais frequentes foram: 15 (0.3403), 11 (0.3264), 13 (0.2718), 15 (0.1753) e 30 (0.2247), para os locos D3S1358, D5S818, D8S1179, D18S51e D21S11, respectivamente. Em todos os locos a distribuição genotípica observada encontra-se de acordo com o equilíbrio de Hardy-Weinberg. Com relação aos parâmetros forenses, as heterozigosidades observadas foram: 0,857 para o loco D3S1358, 0,802 para D5S818, 0,805 para D8S1179, 0,890 para D18S51 e 0,904 para D21S11. O poder de exclusão, seguindo a ordem dos locos descrita anteriormente, foi 0,709; 0,603; 0,609; 0,774 e 0,803 e o poder de discriminação foi 0,889; 0,888; 0,945; 0,968 e 0,928, respectivamente. O conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) foi 0,72 para D3S1358, 0,70 para D5S818, 0,80 para D8S1179, 0,86 para D18S51 e 0,80 para D21S11. O poder de exclusão e o poder de discriminação combinados foi 0,9980 e 0,999998, respectivamente. Comparando-se Pernambuco com suas populações ancestrais, baseado nas distâncias genéticas, pode-se dizer que a população Pernambucana está geneticamente mais próxima das Caucasianas Européias ($D = 0,0278$) do que das Africanas ($D = 0,0446$). Todos os locos se mostraram bons marcadores para estudos de genética forense e populacional.

PALAVRAS-CHAVE: Polimorfismo, *short tandem repeats*, PCR, parâmetros forenses, distância genética.

* Luiz Maurício-da-Silva

Endereço: Rua Prof. Aurélio de Castro Cavalcanti, 79-Apto.804.Boa Viagem, Recife/PE. 51.210-020

Tel/Fax:+55-81-32718512

e-mail: mauricio@ufpe.br

Introdução

Diversas técnicas moleculares permitem o estudo dos polimorfismos genéticos a nível

molecular, das quais, a técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) é a mais utilizada mundialmente. Entre os diversos sistemas moleculares que podem ser analisados por PCR-PAGE estão as *Short Tandem Repeats* (STRs) cujas seqüências repetidas (ou unidades de repetição) contêm 1-6 pares bases (pb)^[1]. Atualmente, o polimorfismo de STRs tem sido muito utilizado em estudos populacionais e forenses.

Inúmeras populações já foram estudadas quanto ao polimorfismo das STRs D3S1358, D5S818, D8S1179, D18S51 e D21S11, mas são poucos os estudos com populações Brasileiras e nenhum em populações Nordestinas. Este trabalho fornece informações quanto ao polimorfismo destes cinco locos de STRs na população do Estado de Pernambuco, Nordeste do Brasil, bem como os parâmetros úteis em genética forense e populacional, auxiliando, assim, a identificação humana, a determinação de paternidade e maternidade, a análise de evidências de DNA de cenas de crime e fornecendo subsídios para a história da formação das populações do Nordeste Brasileiro.

Material & Métodos

Foram coletadas amostras sanguíneas, em anticoagulante ACD (ácido cítrico 0,038M;

citrato de sódio tribásico 0,075M e dextrose 0,133M), de 154 indivíduos não aparentados, da população do Estado de Pernambuco. O DNA das amostras foi extraído pelo método de digestão com proteinase K seguido de rápido mini *salting – out* ^[2]. Todos os locos STRs foram amplificados com 2µl de DNA genômico (100ng/ml), 1U de Taq DNA polimerase (invitrogen), 10pM de cada *primer*, 0,2mM de cada dNTP , 2,5µl de tampão de PCR 10X (100mM Tris-HCl, pH 8.3, 500mM KCl) 2,5mM de MgCl₂ e o volume de reação completado para 25µl com água ultra pura. Os locos D18S51, D21S11 e D8S1179 foram amplificados em conjunto, na forma de um *triplex* enquanto que os locos D3S1358 e D5S818 foram amplificados como *monoplex*.

A PCR foi realizada num termociclador *Perkin Elmer 2400*. O programa de ciclagem tanto para o triplex como para os monoplex foi: desnaturação inicial de 95°C por 5 minutos; 30 ciclos de: 94°C por 1 minuto, 58°C por 1 minuto, 72 °C por 1 minuto e extensão final de 72 °C por 10 minutos.

A separação dos alelos foi feita através de eletroforese vertical em gel de poliacrilamida desnaturante utilizando seqüenciador manual *Hoefer SQ3 Sequencer (Hoefer Pharmacia Biotech, São Francisco, CA)*. Em seguida os géis foram revelados por precipitação de nitrato de prata. A determinação dos alelos foi feita por comparação da mobilidade das bandas das amostras com as bandas de amostras-controles de tipagem conhecida (em pares de bases), aplicadas no mesmo gel. As frequências alélicas foram calculadas através do método da contagem direta. O equilíbrio de Hardy-Weinberg foi verificado utilizando-se o *software GDA*^[3]. O poder de discriminação, heterozigosidade, conteúdo de informação de polimorfismo e a probabilidade de exclusão de paternidade foram calculados através do *software PowerStatsV12* (disponibilizado pela *Promega Corporation*), e a distância genética entre populações foi determinada pelo *software DISPAN*^[4].

Resultados e Discussão

Este é o primeiro trabalho com dados populacionais dos cinco locos de STR D3S1358,

D8S1179, D5S818, D18S51e D21S11, na região Nordeste do Brasil. Todos os locos se mostraram altamente polimórficos e não foram encontrados novos alelos, além dos já descritos na literatura. As frequências alélicas e os parâmetros estatísticos forenses calculados para estes locos estão apresentados na **Tabela 1**. Todos os locos se mostraram em equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Com relação aos parâmetros estatísticos utilizados em genética forense (**Tabela 1**), as heterozigosidades observadas foram: 0,857 para o loco D3S1358, 0,802 para D5S818, 0,805 para D8S1179, 0,890 para D18S51 e 0,904 para D21S11. O poder de exclusão, seguindo a ordem dos locos descrita anteriormente, foi 0,709; 0,603; 0,609; 0,774 e 0,803 e o poder de discriminação foi 0,889; 0,888; 0,945; 0,968 e 0,928, respectivamente. O conteúdo de informação do polimorfismo (PIC) foi 0,72 para D3S1358, 0,70 para D5S818, 0,80 para D8S1179, 0,86 para D18S51 e 0,80 para D21S11. A heterozigosidade média foi de 0,8516. O poder de exclusão combinado foi de 0,9980. O poder de discriminação (PD) dos cinco locos combinados foi 0,999998.

Na **Tabela 2** é mostrada a comparação do poder de discriminação, separadamente e combinado, dos cinco locos analisados no presente trabalho com outros locos de STR já estudados na população de Pernambuco. Nota-se que o loco FGA possui o maior PD (0,9710), seguido dos locos D18S51 (0,9680), D8S11789 (0,9450) e D21S11 (0,9280), sendo que o poder de discriminação combinado dos locos D18S51, D21S11 e D8S1179 (que podem ser amplificados juntos na forma de um *triplex*) é de 0,9826, ou seja, é maior do que o PD de FGA, evidenciando a vantagem de utilizar sistemas *multiplex* ao invés dos *monoplex* em testes de identificação de indivíduos. Com relação aos locos D3S1358 (0,8890) e D5S818 (0,8880), estes possuem poder de discriminação menor que os locos citados anteriormente, no entanto maior que o PD dos locos CSFPO (0,8860) e TPOX (0,8510).

A simples análise dos alelos mais frequentes de alguns locos analisados nos permite distinguir as populações. Em Pernambuco, por exemplo, os alelos mais frequentes para o loco D5S818 foram o 11 (0,3264) e o 12 (0,3234), estes mesmo alelos também são os mais frequentes na maioria das populações mundiais, com exceção da população da Oceania^[11], onde o alelo mais frequente é o 10. Entre os locos analisados, D5S818 foi o que apresentou o menor poder de discriminação (0,888) e o menor poder de exclusão (0,603) (**Tabela 1**).

Em D8S1179, populações miscigenadas como os Brasileiros de Pernambuco, do

Amazonas^[5] e de São Paulo^[5], Caucasianos (Norte-Americanos), Hispânicos^[13], Sul-Americanos^{[21][22][23]} e Europeus de maneira geral^{[9][10][11][12][14][15][24][25]}, apresentam o alelo 13 como o mais freqüente, com freqüências médias de 0,2718, 0,2550, 0,2920, 0,3251, 0,3213, 0,3080 e 0,3063, respectivamente. Já entre populações de Negros (Americanos^[13] e Africanos^{[5][8][12]}) o alelo D8S1179 mais freqüente foi o 14 (freqüência média de 0,334), o qual foi o segundo mais freqüente (0,2047) na população de Pernambuco. Esta mesma distinção entre populações Negras e populações não-Negras, com base no alelo mais freqüente, é vista no loco D21S11, para o qual Brasileiros Pernambucanos tiveram como alelos mais freqüentes os alelos 29 (0,1962) e 30 (0,2247), os quais são mais freqüentes também em Caucasianos da Europa^{[9][10][11][14][15][24][25]}, América do Norte^[13], Populações da América do Sul (Argentina^[21], Colômbia^[27], Peru^[22]), Asiáticos^{[18][19][20]} e na Oceania^{[16][17]} enquanto que populações de Negros (tanto Americanos^[13] como Africanos^{[5][8][12][16][26]}) possuem o alelo 28 como o mais freqüente. Em Pernambuco, o alelo 28 de D21S11 é o terceiro mais freqüente com freqüência de 0,1804. A análise dos alelos mais freqüentes dos locos D8S1179 e D21S11 indica que a população Pernambucana se assemelha mais, do ponto de vista genético, com populações Caucásicas do que com populações Negras.

Além da análise dos alelos mais freqüentes, a distância genética (D) também é uma maneira de distinguir as populações. A **Tabela 3** apresenta valores de distância genética calculada baseada na distribuição das freqüências alélicas dos cinco locos analisados neste trabalho comparados com a população de Pernambuco, do Amazonas^[5], de São Paulo^[5], de Caucasianos Europeus da Península Ibérica^{[6][15][24][25]}, de Caucasianos dos Estados Unidos da América^[13], de Negros dos Estados Unidos da América^[13], do Peru^[22] e da África^{[5][8][12][16]}.

A análise da matriz de distâncias genéticas (**Tabela 3**) fornece dados que nos permite concluir que a população Pernambucana está geneticamente mais próxima dos Caucasianos Europeus da Península Ibérica (D = 0,0278) do que dos Africanos (D = 0,0446). Isto pode ser explicado pela história da colonização ocorrida nesta região do Brasil, período em que numerosos grupos de europeus (principalmente da Península Ibérica) aqui se instalaram e viveram por um longo período de tempo, levando a uma segregação do contingente negro e índio. Devido à escassez de dados entre povos Indígenas, para os locos analisados no presente trabalho, a distância genética destes em relação aos Pernambucanos não foi calculada.

A **Figura 1** representa o dendrograma de distância genética construído utilizando o

método UPGMA. Este dendrograma é formado por três grandes grupos: o Grupo I – formado por Negros (da África e dos EUA), o Grupo II - formado por Brasileiros do Amazonas e Peruanos e o Grupo III – formado pelos Brasileiros (do Amazonas, de São Paulo e de Pernambuco) e Caucasianos (da Península Ibérica e dos EUA).

Analisando-se os Grupos II e III da **Figura 1**, pode-se observar que as três populações Brasileiras (Amazonas, São Paulo e Pernambuco) apesar de terem a mesma origem, historicamente conhecida, a partir da miscigenação entre Negros Africanos, Caucasianos Europeus e Indígenas, esta miscigenação parece não ter sido uniforme em todas as regiões do Brasil. Nota-se, que os Brasileiros de São Paulo estão geneticamente mais próximos de populações Caucasianas (da Península Ibérica e EUA), isto provavelmente se deve à intensa colonização européia naquela região, a qual mantém até os dias atuais, fortes traços culturais em diversas colônias européias espalhadas por todo Estado de São Paulo. Os Brasileiros do Amazonas estão geneticamente mais próximos dos Peruanos, e isto pode ser explicado por serem regiões geograficamente próximas onde os grupos indígenas ali se instalaram e provavelmente deram origem às populações da região. Enquanto que os Brasileiros de Pernambuco formam um sub-grupo único localizado entre os grupos dos Brasileiros de São Paulo e do Amazonas, sugerindo uma miscigenação diferente das já citadas.

Em conclusão, os dados relatados no presente estudo, além de terem caracterizado a população de Pernambuco quanto aos locos D3S1358, D5S818, D8S1179, D18D51 e D21S11, estão de acordo com a origem antropológica da população Pernambucana, bem como forneceram parâmetros estatísticos úteis em análises de genética forense, principalmente quando os cinco locos são analisados em conjunto.

Tabela 1. Frequências alélicas e parâmetros estatísticos para análise forense dos 5 locos de STR na população de Pernambuco.

Alelo	D3S1358	D5S818	D8S1179	D18S51	D21S11
7	-	0,0060	-	-	-
8	-	0,0060	0,0034	-	-
9	-	0,0389	0,0470	-	-
10	-	0,1018	0,0872	-	-
11	-	0,3264	0,0872	0,0227	-
12	0,0126	0,3234	0,1711	0,1039	-
13	0,0084	0,1826	0,2718	0,1039	-
14	0,0840	0,0120	0,2047	0,1299	-
15	0,3403	0,0030	0,1074	0,1753	-
16	0,1933	-	0,0168	0,1623	-
17	0,2731	-	0,0034	0,1331	-
18	0,0756	-	-	0,0909	-
19	0,0126	-	-	0,0422	-
20	-	-	-	0,0227	-
21	-	-	-	0,0130	-
25	-	-	-	-	0,0032
27	-	-	-	-	0,0443
28	-	-	-	-	0,1804
28.2	-	-	-	-	0,0032
29	-	-	-	-	0,1962
30	-	-	-	-	0,2247
30.2	-	-	-	-	0,0222
31	-	-	-	-	0,0918
31.2	-	-	-	-	0,0570
32	-	-	-	-	0,0760
32.2	-	-	-	-	0,0190
33	-	-	-	-	0,0570
34	-	-	-	-	0,0222
34.2	-	-	-	-	0,0032
He	0,857	0,802	0,805	0,890	0,904
PE	0,709	0,603	0,609	0,774	0,803
PD	0,889	0,888	0,945	0,968	0,928
PIC	0,72	0,70	0,80	0,86	0,80

He – Heterozigosi dade Obs ervada

PE – Poder Excl us ão de Paternidade

PD – Poder de Dis criminaç ão

PIC – Conteúdo de Informaç ão de Polimorfismo

Tabela 2. Comparação do poder de discriminação dos cinco locos analisados neste trabalho com outros locos STR já analisados na população de Pernambuco.

Locos STR	Poder de discriminação
D3S1358, D5S818, D8S1179, D18S51 e D21S11 ^a	0,999998
D18S51, D8S1179 e D21S11 ^a	0,9826
FGA ^b	0,9710
D18S51 ^a	0,9680
D8S1179 ^a	0,9450
D21S11 ^a	0,9280
TH01 ^b	0,9330
VWA ^b	0,9320
D7S820 ^b	0,9300
D16S539 ^b	0,9270
D13S317 ^b	0,9160
D3S1358 ^a	0,8890
D5S818 ^a	0,8880
CSF1PO ^b	0,8860
TPOX ^b	0,8510

^aLocos analisados no presente trabalho

^bLocos analisados anteriormente (dados não publicados)

Tabela 3. Matriz dos valores de distância genética (D) entre as populações de Caucasianos da Península Ibérica, de Caucasianos e Negros dos Estados Unidos (EUA), de Brasileiros do Amazonas, de São Paulo e de Pernambuco, de Peruanos e de Africanos.

	Caucasianos Pen. Ibérica	Caucasianos (EUA)	Negros (EUA)	Brasil Amazonas	Brasil São Paulo	Brasil Pernambuco	Peru
Caucasianos (EUA)	0,0084	-	-	-	-	-	-
Negros (EUA)	0,0400	0,0468	-	-	-	-	-
Brasil – Amazonas	0,0229	0,0274	0,0537	-	-	-	-
Brasil – São Paulo	0,0096	0,0145	0,0472	0,0246	-	-	-
Brasil – Pernambuco	0,0278	0,0337	0,0470	0,0416	0,0294	-	-
Peru	0,0460	0,0500	0,0854	0,0211	0,0393	0,0701	-
África	0,0226	0,0387	0,0225	0,0411	0,0352	0,0446	0,0733

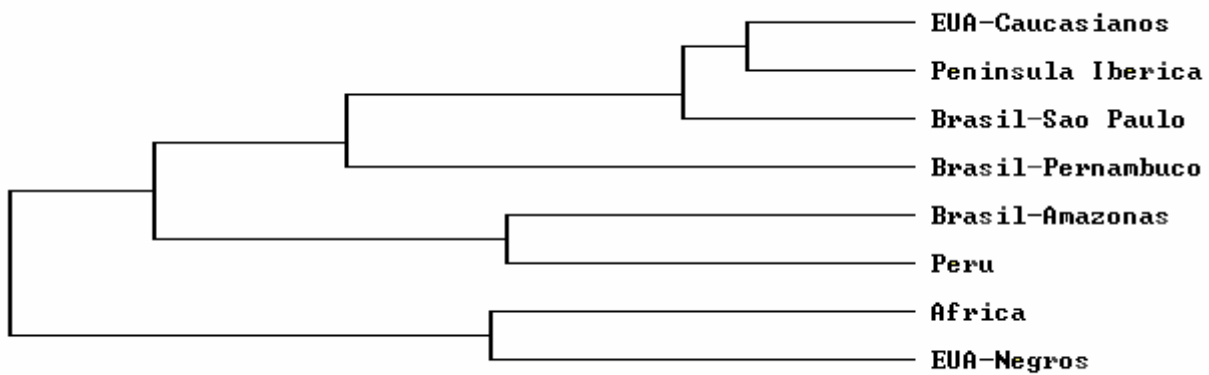


Figura 1. Dendrograma de distância genética usando o método UPGMA baseado nas distâncias genéticas entre as populações descritas na Tabela 3.

Referências Bibliográficas

- [1] Edwards, A., Civitello, A., Hammond, H.A., Caskey, C.T. (1991). DNA Typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats. *Am. J. Hum. Genet.*, 49, 746-756.
- [2] Miller, S. A., Dykes, D. D., Olesky, H. F. (1988). A simple salting-out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res.*, 16, 1255.
- [3] Lewis, P.O., Zaykin, D. Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d12). Free Program distributed by the authors over the internet from the GDA. <http://chee.unm.edu/gda>.
- [4] Ota, T. (1993). DISPAN: Computer program for Genetics Distance and Phylogenetic Analysis. Institute of Molecular and Evolutionary Genetics, Pennsylvania State University.
- [5] Corte-Real, F., Andrade, L., Carvalho, M., Anjos, M.J., Gamero, J., Vieira, D.N., Carracedo, A., Vide, M.C. (2000) Comparative analysis of STR data for Portuguese spoken countries. *Progr. Forensic Genet.* 8: 212-214
- [6] Pérez-Lezaun, A., Calafell, F., Clarimón, J., Bosch, E., Mateu, E., Gusmão, L., Amorim, A., Benchemsi, N., Bertranpetit, J. (2000) Allele frequencies of 13 short tandem repeats in population samples from the Iberian Peninsula and Northern Africa. *Int. J. Legal Med.* 113: 208-214
- [7] Ahmed, A., Linacre, A.M.T., Mohammed, A.A.A., Vanezis, P., Goodwin, W. (2001) STR population data for 10 STR loci including the GenePrint™ PowerPlex™ 1.2 kit from El-Minia (Central Egypt). *Forensic Sci. Int.* 117: 233-234
- [8] Gonçalves, R., Jesus J., Fernandes, A., T., Brehm, A. (2002) Genetic profile of a multi-ethnic population from Guiné-Bissau (west African coast) using the new PowerPlex® 16 System kit. *Forensic Sci. Int.* 129: 78-80
- [9] Mornhinweg, E., Luckenbach, C., Fimmers, R., Ritter, H. (1998) D3S1358: Sequence analysis and gene frequency in a German population. *Forensic Sci. Int.* 95: 173-178
- [10] Garofano, L., Pizzamiglio, M., Vecchio, C., Lago, G., Floris, T., D'Errico, D., Brembilla, G., Romano, A., Budowle, B. (1998) Italian population data on thirteen short tandem repeat loci: HUMTH01, D21S11, D18S51, HUMVWAF31, HUMFIBRA, D8S1179, HUMTPOX, HUMCSF1PO, D16S539, D7S820, D13S317, D5S818, D3S1358. *Forensic Sci. Int.* 97: 53-60.
- [11] Perez-Lezaun, A., Calafell, F., Mateu, E., Comas, D., Bosch, E., and Bertranpetit, J. (1997)

- Allele Frequencies for 20 microsatellites in a worldwide population survey. *Hum. Hered.* 47:189-196.
- [12] Bosch, E., Clarimón, J., Pérez-Lezaun, A., Calafell, F. (2001) STR data for 21 loci in northwestern Africa. *Forensic Sci. Int.* 116: 41-51
- [13] Budowle, B., Moretti, T.R., Baumstark, A.L., Defenbaugh, D.A., Keys, K.M. (1999) Population data on the thirteen CODIS Core Short Tandem Repeat Loci in African Americans, U.S: Caucasians, Hispanics, Bahamians, Jamaicans, and Trinidadians. *J. Forensic Sci.* 44: 1277-1286
- [14] Egyed, B., Füredi, S., Angyal, M., Boutrand, L., Vandenberghe, A., Woller, J., Pádár, Z. (2000) Analysis of eight STR loci in two Hungarian populations. *Int. J. Legal Med.* 113: 272-275
- [15] Gamero, J.J., Romero, J.L., Arufe, M.I., Suarez, J., Cuesta, M.I., Carvalho, M., Anjos, M.J., Corte-Real, F., Vieira, D.N., Vide, M.C. (2000) Analysis of allele distribution for nine short tandem repeat loci in autochthonous Canary Islands and immigrant Central West African populations. *Progr. Forensic Genet.* 8: 224-226
- [16] Brinkmann, B., Junge, A., Meyer, E., Wiegand, P. (1998) Population genetic diversity in relation to microsatellite heterogeneity. *Hum. Mutat.* 11: 135-144
- [17] Wilson-Wilde, L.M., van Oorschot, R.A.H., Mitchell, R.J. (1997) Genetic diversity at six short tandem repeat loci within the state of Victoria, Australia. *Electrophoresis* 18: 1592-1597.
- [18] Han, G.-R., Lee, Y.-W., Lee, H.-L., Kim, S.-M., Ku, T.-W., Kang, I.-H., Lee, H.-S., Hwang, J.-J. (2000) A Korean population study of the nine STR loci FGA, VWA, D3S1358, D18S51, D21S11, D8S1179, D7S820, D13S317 and D5S818. *Int. J. Legal Med.* 114:41-44
- [19] Hou, Y., Li, Y., Wu, J., Tang, J., Prinz, M. (2000) Polymorphisms of 13 STR markers in Chinese population. *Progr. Forensic Genet.* 8: 242-244
- [20] Yamamoto, T., Uchihi, R., Nozawa, H., Huang, X.L., Leong, Y.K., Tanaka, M., Mizutani, M., Tamaki, K., Katsumata, Y. (1998) Polymorphism analysis of nine STR loci in Japanese using multiplex PCR and capillary electrophoresis. *Progr. Forensic Genet.* 7: 390-391.
- [21] Miozzo, M., C., Pacharoni, C., M., Mutal, S., A., Maxzud, M., K., Casanova, A., E., Modesti, M., N. (2003) STRs data for the loci D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317 and D7S820 from Córdoba (Argentina) *Forensic Sci. Int.*

- [22] Pérez, L., Hau, J., Izarra, F., Ochoa, O., Zubiate, U., García, O. (2003) Alleles frequencies for the 13 CODIS STR loci in Peru. *Forensic Sci. Int.* 132: 164-165.
- [23] Gené, M., Moreno, P., Borrego, N., Piqué, E., Xifró, A., Fuentes, M., Bert, F., Corella, A., Pérez-Pérez, A., Turbón, D., Corbella, J., Huguet, E. (2000) Population study of Aymara Amerindians for the PCR-DNA polymorphisms HUMTH01, HUMVWA31A, D3S1358, D8S1179, D18S51, D19S253, YNZ22 and HLA-DQ• . *Int. J. Legal Med.* 113: 126-128.
- [24] Torìo A., Moya-Quiles, M., R., Luna, A., Álvarez-López, M., R. (2002) STR data for the AmpFISTR Profiler Plus Loci from Murcia region (SE Spain) *Forensic Sci. Int.* 129: 140-141.
- [25] Geadá, H., Brito, R., Ribeiro, T., Espinheira, R. (2000) Portuguese population and paternity investigation studies with a multiplex PCR- The AmpFISTR® Profile Plus™. *Forensic. Sci. Int.* 108: 31-37.
- [26] Huguet, E., Borrego, N., Pique, E., Brandt, C., Mas, J., Luna, M., Corbella, J., Moreno, P., Gene, M. (2000) Bubi population (Equatorial Guinea) characterised by D3S1358, D8S1179, D18S51 and D19S253 STR-PCR polymorphisms. *Progr. Forensic genet.* 8: 233-235
- [27] Gómez, M.V., Reyes, M.E., Mejía, D.F., Cárdenas, H. (2000) Genetic variation at 9 STR loci in a southwestern Colombian population. *Progr. Forensic Genet.* 8: 251-253.

6. ABSTRACT

To determine the genetic polymorphism of five STR loci we used 154 blood samples from unrelated individuals on the State of Pernambuco, (Northeastern Brazil). The five STRs studied (D3S1358, D8S1179, D5S818, D18S51 and D21S11) were analysed by PCR-PAGE as currently described. The most common allele for D3S1358 was allele 15 (0.3464), for D8S1179 was the 11 (0.3264), for D5S818 was the 13 (0.2718), for D18S51 was the 15 (0.1753) and for D21S11 was the 30 (0.2247). All loci were in Hardy-Weinberg equilibrium as calculated by GDA software. The observed heterozygosities were 0.857, 0.802, 0.805, 0.890 and 0.904, respectively. The power of exclusion was 0.709, 0.603, 0.609, 0.774 and 0.803, and the discrimination power was 0.889, 0.888, 0.945, 0.968 e 0.928, following the same order of the loci. The PIC value was 0.72 for D3S1358, 0.70 for D5S818, 0.80 for D8S1179, 0.86 for D18S51 and 0.80 for D21S11. The combined power of exclusion and discrimination was 0.9980 and 0.999998, respectively. We concluded that Pernambuco population, based on the genetic distances, is genetically closer to Caucasians ($D = 0.0278$) than Africans ($D = 0.0446$). All loci are good markers to be used in population genetics and forensic genetics for Pernambuco population.