

MICROHAPLÓTIPOS APLICÁVEIS EM ANÁLISES DE IDENTIFICAÇÃO HUMANA NA POPULAÇÃO DE RIBEIRÃO PRETO-SP

Luciellen d'Avila Giacomel Kobachuk^{1,2*}, Vítor Matheus Soares Moraes¹, Thássia Mayra Telles Carratto³, Leticia Marcorin¹, Aginaldo Luiz Simões¹, Celso Teixeira Mendes Junior^{1,3}

¹ Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Departamento de Genética, Ribeirão Preto, São Paulo

² Polícia Científica do Paraná, Laboratório de Genética Molecular Forense, Curitiba, Paraná

³ Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto, Departamento de Química, Ribeirão Preto, São Paulo;

*Autor; e-mail: luciellengiacomel@gmail.com

RESUMO

Microhaplótipos (MHs) são um tipo emergente de marcadores genéticos com possibilidade de múltiplas aplicações forenses. Neste trabalho foi avaliado um painel com 128 MHs genotipados por microarray e ferramentas de imputação em 513 indivíduos de Ribeirão Preto, São Paulo. Os valores obtidos para os parâmetros forenses foram superiores aos dos kits comerciais de genotipagem de Short Tandem Repeats (STRs), demonstrando o potencial dessa ferramenta para a identificação humana.

Palavras-chave: Microhaplótipo, Genética Forense, Identificação Humana.

Introdução

Os microhaplótipos são definidos como fragmentos de DNA de até 300pb, compostos por, pelo menos, dois *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs) ligados e associados em múltiplas combinações alélicas. Estudos tem demonstrado que os MHs são poderosos marcadores para individualização humana e deconvolução de misturas. Até o momento, não há estudos que avaliem a população brasileira com painéis de microhaplótipos, limitando assim o uso forense dessa ferramenta.

Objetivo

Avaliar um painel composto por 128 microhaplótipos (KIDD et al., 2017) para identificação humana em indivíduos oriundos de Ribeirão Preto, SP (n = 513).

Métodos

O DNA de amostras hematológicas provenientes de 513 indivíduos de Ribeirão Preto-SP foi extraído por *salting out* e quantificado por espectrofotometria

(*NanoDrop™*) e fluorimetria (*Qubit*). A genotipagem foi realizada com o kit *Infinium Multi-Ethnic Global-8 Array* (MEGA) na plataforma *HiScanSQ System* (*Illumina*). Para os *loci* não analisados, foi realizada a imputação através dos servidores *Sanger* e *Michigan*. Análises estatísticas e parâmetros forenses foram calculados nos softwares *Arlequin 3.5*, *Genepop 4.7.5* e *STRAF 2.1.5*.

Resultados e Discussão

Os 128 MHs estão em equilíbrio de Hardy Weinberg e apresentaram valores de poder de discriminação e de poder de exclusão combinados de: 1 - (3,9 x 10⁻⁹⁰) e 1 - (1,3 x 10⁻²³), respectivamente. Índices superiores aos observados nos kits de amplificação de STRs utilizados na rotina forense atual. Os valores de número efetivo de alelos (Ae) variaram de 1,10 a 8,27. Esse parâmetro é utilizado para avaliar a utilidade do *locus* na resolução de misturas, sendo Ae superior a 3 sugerido como ideal (KIDD et al., 2017). Foram identificados 39 *loci* com Ae>3, compondo uma alternativa viável ao uso dos STRs em misturas complexas.

Conclusão

O painel de 128MHs demonstrou-se apto para identificação humana, com potencial para resolução de misturas na população de Ribeirão Preto-SP.

Referências bibliográficas

KIDD, K. K. et al. Evaluating 130 microhaplotypes across a global set of 83 populations. **Forensic Science International: Genetics**, v. 29, p. 29–37, 1 jul. 2017.

Realização