

DETERMINAÇÃO DA COMPOSIÇÃO GENÉTICA DA POPULAÇÃO DE OURO PRETO, MINAS GERAIS: ESTUDO COMPLEMENTAR

ISABELA DORNELAS TEIXEIRA (Autor) Erica Maria de Queiroz. (Orientador)

Instituição de Ensino - Universidade Federal de Ouro Preto

Palavras Chaves:

Resumo:

Marcadores genéticos com diferentes frequências alélicas entre populações parentais têm sido utilizados como marcadores indicativos de ancestralidade (MIAs) por possuir capacidade de inferir a origem étnica de populações. Há diferentes marcadores que são classificados de acordo com a sua natureza molecular e localização genômica. Os marcadores autossômicos biparentais são considerados excelentes marcadores individuais e os marcadores uniparentais (mtDNA e NRY) são marcadores geográficos. Um estudo preliminar realizado por nosso grupo de pesquisa demonstrou que as proporções de ancestralidades genéticas encontradas para a população da cidade de Ouro Preto foram EUR = 0,503; AFR = 0,333 e AMR = 0,164. O objetivo deste trabalho foi ampliar o estudo de composição genética da população de Ouro Preto e determinar a origem do cromossomo Y na população a partir do estudo transversal realizado em 2006 (Cândido e col., 2009). A composição genética foi realizada por genotipagem (N=160) do painel de 46 Indels (Pereira e col., 2009) utilizando marcadores fluorescentes em Genetic Analyser ABI 3500 (Applied Biosystems). O estudo do cromossomo Y (N=107) foi por genotipagem do SNP M269 e digestão enzimática com MvaI. Não foi possível determinar a composição genética da população de Ouro Preto, visto que houve dificuldades de amplificação do painel proposto. Para a origem do cromossomo Y, foi possível genotipar 44 indivíduos, sendo observada alta frequência (n=18, 40%) do marcador de ancestralidade europeia típico da Península Ibérica. Nossos resultados corroboram com outros estudos brasileiros (Oliveira e col., 2014; Silva e col., 2006; Carvalho-Silva e col., 2001, 2006). Estudos de origem parental e composição genética são importantes para o entendimento da formação da colonização e suas possíveis utilizações em estudos de associação e doenças genéticas de um modo geral.

Publicado em:

- Evento: Encontro de Saberes 2015
- Área: CIÊNCIAS DA VIDA
- Subárea: Biologia Geral