



**UNICEPLAC**  
CENTRO UNIVERSITÁRIO

**Centro Universitário do Planalto Central Aparecido dos Santos - UNICEPLAC**  
**Curso de Medicina**  
**Trabalho de Conclusão de Curso**

Avaliação de associações entre variantes genômicas estruturais e a patologia da  
obesidade na população brasileira

Gama-DF  
2022

**MARCOS PERES BERNARDES  
RAFAEL PORTELLA ALMEIDA GRATTAPAGLIA**

**Avaliação de associações entre variantes genômicas estruturais e a  
patologia da obesidade na população brasileira**

Monografia apresentada como requisito para  
conclusão do curso de Medicina do Centro  
Universitário do Planalto Central Aparecido dos  
Santos – Uniceplac.

Orientador: Prof. Me. Marco Antônio Alves Cunha

Gama-DF  
2022

B518a

Bernardes, Marcos Peres.

Avaliação de associações entre variantes genômicas estruturais e a patologia da obesidade na população brasileira. / Marcos Peres Bernardes, Rafael Portella Almeida Grattapaglia. – 2022.

20 p.

Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Centro Universitário do Planalto Central Aparecido dos Santos - UNICEPLAC, Curso de Medicina, Gama-DF, 2022.

Orientação: Prof. Me. Marco Antônio Alves Cunha.

1. Obesidade. 2. Polimorfismo genético. 3. Sequência VNTR. I. Gonçalves, Leticia Matos. II. Título.

CDU: 6

**MARCOS PERES BERNARDES  
RAFAEL PORTELLA ALMEIDA GRATTAPAGLIA**

**Avaliação de associações entre variantes genômicas estruturais e a patologia da obesidade  
na população brasileira**

Monografia apresentada como requisito para  
conclusão do curso de Bacharelado em Medicina  
pelo Centro Universitário do Planalto Central  
Apparecido dos Santos – Uniceplac.

Orientador: Prof. Me. Marco Antônio Alves Cunha

Gama-DF, 21 de maio de 2022.

**Banca Examinadora**

---

Prof. Me. Marco Antônio Alves Cunha  
Orientador

---

Prof. Me. Alessandro Ricardo Caruso da Cunha  
Examinador

---

Prof. Me. Flávio Dutra de Moura  
Examinador

## **AGRADECIMENTOS**

Gostaríamos de agradecer primeiramente ao Dario Grattapaglia e ao laboratório Hereditas por nos proporcionar esta oportunidade. Queremos agradecer também às nossas famílias, sem as quais nada disto seria possível e ao Professor Marco Antônio, que nos orientou e apoiou desde o começo.

## RESUMO

O estudo de caso-controle analisou associações previamente descritores em literatura internacional de variantes estruturais em oito genes que poderiam estar relacionados com predisposição ao ganho de peso corporal. A obesidade é uma doença multifatorial cada vez mais prevalente na população mundial, envolve aspectos genéticos e ambientais e representa um importante fator de risco para o desenvolvimento de inúmeras doenças. Diversos polimorfismos de variantes estruturais, sequências repetitivas e polimorfismos de base individual no genoma humano tem sido mapeados nos últimos anos afetando a expressão de genes fisicamente próximos relacionados ao mecanismo da patologia de obesidade. Embora cada associação de marcador-fenótipo individual explique uma pequena proporção da variação observada e, às vezes, com resultados variáveis em diferentes populações, novas abordagens de predição genômica utilizando o efeito cumulativo de múltiplos marcadores genéticos têm apresentado eficiência na construção de modelos preditivos de risco de obesidade. Este projeto corrobora com a literatura científica ao analisar variações genômicas e gerar dados para possíveis futuros modelos preditivos de risco de obesidade estatísticos multivariados combinados aos marcadores dos oito genes.

**Palavras-chave:** obesidade; sequência VNTR; polimorfismo genético.

## ABSTRACT

The case-control study analyzed associations previously described in the international literature of structural variants in eight genes that could be related to a predisposition to body weight gain. Obesity is an increasingly prevalent multifactorial disease in the population worldwide, it involves genetic and environmental aspects and represents an important risk factor for the development of numerous diseases. Several structural variant polymorphisms, repetitive sequences and individual-based polymorphisms in the human genome have been mapped in recent years affecting the expression of physically close genes related to the mechanism of obesity pathology. Each of genetic markers, although cumulative traits, explain a small proportion, although cumulative traits, and sometimes with variables in different, new approaches to pre-genomic associations, the effect, a variety of cumulative genetic markers, have shown. examples of building pre-defined genetic models of cumulative risks. of obesity. This project corroborates the scientific literature by analyzing genomic variations and produces multivariate statistical obesity risk predictors from the data combined with the indicators in the eight models.

**Keywords:** obesity; VNTR sequence; genetic polymorphism.