

247

ESTUDO POPULACIONAL DE CINCO POLIMORFISMOS DE DNA NO GENE DO FATOR V. *Kátia G. dos Santos, Eliane Bandinelli e Israel Roisenberg* (Dept. de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS).

O fator V é uma glicoproteína plasmática que atua na cascata da coagulação sanguínea. O gene que o codifica localiza-se no cromossomo 1 (1q21-25). O objetivo deste trabalho é realizar o estudo populacional de cinco polimorfismos em diferentes exons do gene do fator V em caucasóides normais. Os polimorfismos foram denominados de: FVR (*Rsa* I), FV13 (*Taq* I), FV11 (*Hph* I), FV04 (*Pst* I) e FV02 (*Acc* I). As amostras de DNA amplificadas pela Reação em Cadeia da Polimerase foram clivadas com a enzima de restrição correspondente ao polimorfismo. O número de indivíduos estudados (N), as frequências alélicas e genótípicas e o resultado do teste de qui-quadrado ($\chi^2_{(1)}$) estão no quadro:

	N	alelo (-)	alelo (+)	--	+-	++	($\chi^2_{(1)}$)
FV02	85	0,66	0,34	0,436	0,449	0,115	1,54
FV04	92	0,81	0,19	0,656	0,308	0,036	0,81
FV11	102	0,113	0,887	0,013	0,200	0,787	13,35
FV13	203	0,73	0,27	0,533	0,394	0,073	5,93
FVR	100	0,945	0,055	0,893	0,104	0,003	0,32

A distribuição genotípica está de acordo com a prevista pelo Equilíbrio de Hardy-Weinberg para quase todos os polimorfismos, exceto FV13 e FV11. Comparando nossos resultados com dados publicados de caucasóides europeus, não se verificam diferenças significativas nas frequências alélicas (CNPq, FINEP).