

239

VARIABILIDADE NA SEQÜÊNCIA DA PORÇÃO 3'-UTR DO GENE LDLR EM POVOS NATIVOS AMERICANOS. *Nelson J. R. Fagundes, Sandro L. Bonatto*, Loreta B. Freitas e Francisco M. Salzano.* (Dep. de Genética, UFRGS; *Instituto de Biociências, PUCRS).

Estudos evolutivos humanos vêm utilizando em larga escala o seqüenciamento do mtDNA, principalmente devido à sua alta taxa evolutiva. Outros marcadores clássicos são o cromossomo Y e os VNTRs. No entanto, são raros os estudos que empregam o seqüenciamento de algum loco nuclear, devido ao baixo índice de diversidade nucleotídica que estes marcadores apresentam. Na porção 3'-UTR do gene LDLR existem dois elementos *Alu* inteiros e um parcial, que constituem 79% de toda a região estudada. Um estudo recente verificou uma taxa evolutiva bastante alta nessa região. O objetivo deste trabalho é caracterizar a variabilidade genética da mesma em indivíduos nativos americanos, de modo que se possa usa-la para problemas evolutivos como o do povoamento das Américas. Para tanto, estão sendo estudados indivíduos das tribos Ache, Gavião, Suruí, Wai Wai, Xavante e Zoró. O fragmento de interesse é amplificado por PCR, com primers específicos, em dois fragmentos independentes (U, 530 pb; e D, 507 pb), e após é feito o seqüenciamento em ciclos com marcação radioativa com P³³. Até o momento, em 14 indivíduos estudados para o fragmento D, foram obtidos os seguintes resultados: 1) três sítios mostram-se polimórficos, dos nove já estabelecidos para outras populações (n=8); 2) foram observados quatro alelos distintos entre os indígenas, sendo que dois destes ainda não haviam sido encontrados em outras populações. 3) encontrou-se 64,3% de indivíduos heterozigotos. Embora os dados sejam preliminares, pode-se inferir que o marcador em questão pode fornecer dados valiosos para estudos evolutivos em populações humanas. (PIBIC-CNPq/UFRGS)