

024

VARIABILIDADE NA SEQUÊNCIA DA REGIÃO HIPERVARIÁVEL DO GENE LDLR EM INDÍGENAS SUL-AMERICANO. Nelson Jurandir Rosa Fagundes, Sandro L. Boratto, Francisco Mauro Salzano, Loreta Brandão de Freitas (Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS).

Estudos evolutivos em populações indígenas têm sido feitos com base no sequenciamento do DNA mitocondrial (mtDNA), devido a sua alta taxa evolutiva, principalmente nas regiões hipervariáveis da porção controladora. Apesar de fornecer informações extremamente valiosas, o estudo do mtDNA é, devido a sua matrilinearidade, incapaz de revelar a história da linhagem paterna. Recentemente foram descritas na literatura, na porção UTR ("untranslated region") do gene LDLR ("low-density lipoprotein receptor"), duas inserções *Alu* (*Alu U*, 311pb. e *Alu D*, 316pb.), fixadas no genoma de humanos, que possuem uma taxa evolutiva extremamente elevada em comparação com os demais locos nucleares. A taxa evolutiva do *Alu U* é comparável àquela encontrada na região hipervariável do mtDNA. O *Alu D* possui uma taxa evolutiva cerca de 0,25 vezes a do *Alu U*, o que ainda é bastante elevado. O objetivo deste trabalho é avaliar a utilidade deste marcador no estudo da origem e evolução dos povos nativos americanos. Para isso, serão estudados indivíduos de 5 tribos brasileiras (Xavante, Gavião, Wai Wai, Suruí e Zoró), que já foram estudadas para o mtDNA além de outros locos nucleares, através da técnica de PCR e posterior sequenciamento da região amplificada. A amplificação está sendo feita com "primers" específicos para a porção UTR e "primers" internos que flanqueiam as inserções em questão. Dando prosseguimento ao estudo, será feito o sequenciamento direto do produto de PCR pelo método enzimático de Sanger, sendo que a porção UTR será sequenciada em dois fragmentos independentes, cada um contendo uma das inserções, de modo que toda a porção possa ser sequenciada. (FINEP)