

O gene *FGFR1* tem um papel crucial no desenvolvimento da caixa craniana. Muitos estudos de desenvolvimento têm sido realizados com este gene, sendo que mutações no mesmo leva a fenótipos com severas anomalias craniofaciais. O fato de mutações no gene *FGFR1* resultarem em fenótipos anormais que apresentam pelo menos alguns traços morfológicos similares com aqueles encontrados na população normal, permite especular que esse gene tenha também papel na variação morfológica normal encontrada dentro de nossa espécie. Sendo assim, genotipamos uma amostra de ameríndios (incluindo esquimós), africanos, europeus para 8 desses *SNPs*, 5 situados em íntrons (2, 3, 5, 14 e 17), 1 no éxon 18, 1 na região 5'UTR, e 1 no promotor do gene *FGFR1*. Até o momento dados de 90 ameríndios (29 esquimós), 28 africanos e 41 europeus para 5 dos 8 *SNPs* previamente selecionados foram obtidos. Os resultados preliminares relativos às frequências dos *SNPs* dos íntrons 3, 5 e 14, mostram uma concordância, revelando uma diferença estatisticamente significativa ( $P < 0,001$ ) quando ameríndios, europeus e esquimós são comparados com africanos. Em relação aos *SNPs* da região 5'UTR e da região promotora, ameríndios, africanos e esquimós quando comparados com europeus apresentam diferença estatisticamente significativa ( $P < 0,0001$ ,  $P = 0,02$  e  $P = 0,045$ ). Os resultados aqui apresentados devem ser concluídos no que se refere a genotipagem e, posteriormente, será realizada uma correlação entre estes resultados completos com as informações craniométricas obtidas de um dos grupos ameríndios típicos e um grupo de mestiços mexicanos, também genotipado por nosso grupo. Isso servirá para elucidar o significado dessa diferenciação em relação a esses marcadores entre os grupos humanos estudados.