

028

VARIABILIDADE MOLECULAR DE UMA REGIÃO NUCLEAR HIPERVARIÁVEL EM POPULAÇÕES AMERÍNDIAS DA AMÉRICA CENTRAL. Luana Cardoso da Silva, Francisco Mauro Salzano, Sandro Luis Bonatto (orient.) (UFRGS).

Uma seqüência hipervariável localizada no cromossomo 16p13.3 humano é parte de um íntron do gene do canal de Ca²⁺ tipo T (CACNA1H). Em análises realizadas, este segmento tem apresentado bom número de sítios polimórficos, sendo alguns exclusivos de populações ameríndias. Por estar localizado em um íntron, presume-se que seja neutro. Essas características fazem deste segmento uma ótima ferramenta para estudos evolutivos. Além disso, análises envolvendo seqüências nucleares em povos ameríndios ainda são reduzidas quando comparado aos marcadores clássicos (grupos sanguíneos e proteínas) e aos uniparentais (mtDNA e cromossomo Y). O objetivo deste trabalho é realizar a primeira investigação do segmento 16p13.3 com populações nativas da América Central. As populações estudadas são: Bribri, Cabecar, Teribe, Guatuso, Huetar e Guaymi. Estas populações estão localizadas em diferentes regiões da Costa Rica. Até o momento foram seqüenciados aproximadamente 1500 pares de bases de oito indivíduos: 1 Bribri, 2 Cabecar, 2 Guatuso, 1 Guaymi, 1 Huetar e 1 Teribe. O único sítio que apresentou polimorfismo foi o 127. Em populações asiáticas, previamente estudadas, este sítio aparece em homozigose (G/G) ou heterozigose (G/C). Os indivíduos heterozigotos (G/C) observados foram os dois Cabecar e um Guatuso. O indivíduo Bribri é homozigoto para o referido sítio (C/C). Os haplótipos dos demais indivíduos são como os dos asiáticos. As diversidades haplotípica e nucleotídica dos indígenas costarriquenhos foram de, respectivamente, 0, 458 e 0, 030%. De 45 ameríndios da América do Sul previamente estudados, 8 apresentam variação neste mesmo sítio, além de apresentarem outros 15 sítios polimórficos (diversidades haplotípica e nucleotídica: 0, 478; 0, 064%). Nota-se, portanto, valores mais baixos na Costa Rica. Estes resultados concordam com os encontrados em outros marcadores nos quais a diversidade molecular das populações da América Central é reduzida. (Fapergs).