

019

**ESTUDO DA VARIABILIDADE DOS SEGMENTOS CONSERVADOS DA REGIÃO CONTROLADORA DO DNA MITOCONDRIAL EM NATIVOS AMERICANOS.** *Leandro Jerusalinsky, Sandro L. Bonatto, Loreta B. de Freitas e Francisco M. Salzano* (Departamento de Genética, UFRGS, Porto Alegre, RS).

Nos estudos evolutivos em humanos, principalmente em nativos americanos, tem sido usado largamente o sequenciamento do DNA mitocondrial, em especial da região controladora. A vasta maioria dos trabalhos utilizou apenas seqüências do primeiro segmento hipervariável (HVS-I) da região controladora, que, de fato, apresenta maior variabilidade, sendo, portanto, mais informativo para o estudo de problemas evolutivos recentes. Em poucos estudos sobre ameríndios foram também usadas seqüências do segundo segmento hipervariável (HVS-II). Dois trabalhos utilizaram seqüências do segmento conservado localizado entre os dois segmentos hipervariáveis, um deles incluindo ameríndios. Nenhuma pesquisa sobre nativos do continente americano até o momento incluiu seqüências do segmento conservado que está no fim da região controladora. O objetivo deste estudo é avaliar a variabilidade dos segmentos conservados da região controladora do DNA mitocondrial em populações nativas americanas. Para tal, serão sequenciados indivíduos representantes dos principais grupos de seqüências já estabelecidos a partir do conhecimento do HVS-I. Os resultados preliminares, relativos apenas ao segmento central, corroboram o seu elevado grau de conservação, apesar da existência de posições hipervariáveis. Não foram encontrados marcadores para os principais haplogrupos mitocondriais ameríndios. Algumas mutações encontradas no presente estudo já haviam sido constatadas em ameríndios (p.ex. 16519 T-C), enquanto outras só haviam sido descritas em asiáticos (p.ex. 16497 A-G). (FINEP, CNPq, PROPESQ-UFRGS).