

026

**HAPLÓTIPOS GLOBINA B EM UMA AMOSTRA CAINGANG DO RS.** *Shaiane Goulart Crossetti, Mara Hutz, Sidia Maria Callegari Jacques (orient.) (UFRGS).*

O *cluster* do gene da globina b é considerado um dos segmentos de DNA mais estudados, sendo empregado em estudos de afinidade entre populações humanas há quase duas décadas. Nas Américas, já foram estudadas 24 populações nativo-americanas, no entanto, a maioria das tribos sul-americanas estudadas vivem especialmente na região Amazônica. Visando determinar os haplótipos derivados de cinco sítios de restrição polimórficos (e -HincII, g G-HindIII, g A-HindIII, 5'y b -HincII e 3'y b -hincII) em um grupo indígenas da região sul do Brasil, foram investigados 108 cromossomos da tribo Caingang do município de Nonoai, RS. A determinação haplotípica e cálculo das frequências foram realizados através dos programas *Multiple Locus Haplotype Analyses* (J.Long, 1999) e Arlequin v.2001. Dez haplótipos foram observados, sendo os 2 (+----), 5 (-+---), 6 (-+++), 3 (----+) e 1(-----) os mais frequentes (57%, 13%, 7%, 7% e 7% respectivamente). Os haplótipos 2, 5 e 6 são de primeira ordem (primitivos) e já foram descritos como os mais comuns em tribos americanas. Os resultados obtidos foram analisados em conjunto com os de outras 27 populações nativo-americanas (24 Am. Sul e 3 Am. Norte), previamente estudadas. A Análise Molecular de Variância (AMOVA, Arlequin v.2001) foi utilizada para testar a existência de estruturação populacional. Três análises foram realizadas: (1) separando populações ameríndias da floresta tropical segundo três troncos lingüísticos (Gê, Tupi e Carib); (2) separando as tribos do norte da Amazônia, do sul da Amazônia e do centro-sul brasileiro; (3) comparando as populações da Am. do Norte com as Am. do Sul. Em nenhuma das análises foi observada diferença estatisticamente significativa entre os grupos, notando-se que as maiores percentagens de variação ocorreram em nível intrapopulacional e entre populações do mesmo grupo, o que permite concluir, ao menos com a informação atualmente disponível, pela inexistência de estruturação quanto ao *cluster* do gene da globina b. (BIC).