

156

ANÁLISE DE MARCADORES *Alu* RELACIONANDO POVOS AMERICANOS E SIBERIANOS. Ana Helena Heller, Jaqueline Battilana, Cláudia L. Dornelles, Renata Schmitt*, Nelson J.R. Fagundes, Loreta B. de Freitas, Sandro L. Bonatto* e Francisco M. Salzano. (Dep. Genética, UFRGS, *Fac. Biociências, PUCRS)

A questão da origem dos povos indígenas das Américas tem sido objeto de muitos estudos. As maiores controvérsias dizem respeito ao número de ondas migratórias, a idade da ocorrência de cada uma e ao tamanho das populações ancestrais. Foram feitos muitos estudos com base em mtDNA para sugerir modelos de migrações. Porém, outros marcadores moleculares, como as inserções *Alu*, são também importantes para um melhor entendimento dos mecanismos evolutivos que levaram ao povoamento das Américas. Sabe-se hoje que mais de 30% do genoma humano é constituído de DNA repetitivo e as inserções *Alu* são uma das principais famílias de repetições intercaladas. Elas contêm cerca de 300 pares de bases e são classificadas como elementos intercalados curtos. Uma vez inseridos em locais específicos do cromossomo, a maioria dos elementos *Alu* não está sujeita à perda ou rearranjo, caracterizando-se como marcadores genéticos estáveis. Este trabalho objetiva analisar as diferentes frequências de inserção de elementos *Alu* em povos nativos sul-americanos, verificar seu polimorfismo e compará-los com outros povos. Para isso, estão sendo estudadas as tribos brasileiras Gavião (número amostral 26), Suruí (23), Wai Wai (23), Xavante (30), Zoró (28) e Cinta Larga (31), além de populações Eskimo e Chukchi da Sibéria e uma população atabasca (Ná-Déné). Os locos, analisados através da técnica de PCR, são TPA, PV, APO, ACE, FXIII, DI, A25, 3.23, 4.75, 4.32, 4.65. Os resultados de frequência de inserção foram analisados pelo método de neighbor joining, utilizando-se matrizes de distância de Nei (1979) e de máxima verossimilhança. Os resultados obtidos até o momento mostram o agrupamento das tribos Cinta Larga, Suruí, Zoró e Gavião, todos do grupo lingüístico Tupi-Mondé, indicando concordância entre os dados genéticos e lingüísticos. Para os 11 locos analisados verificou-se, entre as tribos brasileiras, altas frequências da inserção nos locos APO e 4.75 e baixas frequências para 4.32, 4.65 e A25, os demais apresentando frequências intermediárias. A comparação das tribos brasileiras com as siberianas envolveu oito locos, dos quais APO e FXIII apresentaram as maiores frequências de inserção. Incluindo os atabascos, a análise envolve cinco locos, sendo a maior frequência de inserção observada no loco FXIII. Outro resultado interessante é o de que os Chukchi e Eskimo agrupam-se entre si e de maneira bem próxima às tribos americanas, indicando que exista uma proximidade genética entre essas populações. Considerando apenas os cinco locos comuns a todas as tribos, os Ná-Déné inserem-se junto às tribos brasileiras. Financiamento: PRONEX, FINEP, CNPq, CAPES, FAPERGS