

303

ANÁLISE DA DIVERSIDADE DO GENOMA MITOCONDRIAL DE NATIVOS AMERICANOS. *Ricardo Kanitz, Roberta Eckert, Ana Carolina S. Valls, Nelson J. R. Fagundes, Francisco M. Salzano, Sandro Luis Bonatto (orient.)* (Centro de Biologia Genômica e Molecular,

Faculdade de Biociências, PUCRS).

A hipótese mais difundida e aceita sobre o povoamento do continente Americano pelo *Homo sapiens* moderno é que as migrações ocorreram através da Beríngia (istmo que ligava Ásia e América durante o Pleistoceno). Há vários estudos a respeito da idade aproximada dessas migrações e, com isso, quantas foram elas. Trabalhos recentes com o DNA mitocondrial sustentam a hipótese de uma única e antiga entrada no continente que teria ocorrido em torno de 20 mil anos atrás. Na América são encontrados quatro grandes haplogrupos mitocondriais (A, B, C e D) determinados através da análise das seqüências das mitocôndrias de nativos americanos. Analisando separadamente cada um dos haplogrupos para se obter sua diversidade, pode-se chegar a uma estimativa de tempo da migração para a América, uma vez que a taxa evolutiva do mtDNA é estimável. Um primeiro estudo da região codificadora foi realizado analisando-se 8 mil pares de base (kb) (aproximadamente metade do genoma mitocondrial), onde se obteve uma estimativa para o povoamento de aproximadamente ~18.000 anos, com um intervalo de confiança relativamente estreito. O objetivo deste trabalho é que, com o seqüenciamento do genoma completo da mitocôndria, seja possível reduzir ainda mais esse intervalo, melhorando a estimativa da idade da migração. Até agora, já temos cerca de 7, 5kb em comum seqüenciados e 2.431 desses analisados em 15 indivíduos. A análise será estendida a mais três indivíduos cujos seqüenciamentos estão sendo realizados, e também a outros que já constam na literatura. As diversidades até agora encontradas são 0,0823% para o haplogrupo A (n=3); 0,0494% para o B (n=5); ausência de variação para o C (n=3); e 0,0206% para o D (n=4). Essas diferenças não são estatisticamente significantes, mas esses valores ainda são preliminares, com o aumento no número de sítios e indivíduos analisados teremos maior confiabilidade nos dados. (CNPq-Proj. Integrado).