

Línguas semelhantes e regiões geográficas próximas indicam origem histórica comum e as populações devem apresentar semelhanças em suas frequências gênicas. Estudo anterior mostrou que as hipóteses dos linguistas C. Louktoke e A.D. Rodrigues são as que tem maior apoio dos dados genéticos (marcadores protéicos) para explicar as relações entre Arawak, Jê, Carib e Tupi. Wang et al. (2007), utilizando marcadores STR autossômicos em 17 tribos sul-americanas, sugerem haver uma diferença entre Terras baixas e a Zona Andina. O presente trabalho tem como objetivo analisar associações entre língua, geografia e genética na América Indígena estudando um número maior de populações. Foram utilizadas as frequências gênicas de 11 locos de STRs autossômicos, obtidas da literatura e produzidas nos laboratórios de genética da UFRGS, UFPA e UFMG, com um total de 25 populações para a análise lingüística e 30 para a geográfica. A adequação dos dados genéticos a modelos propostos foi avaliada pela estatística  $\chi^2$  (M. Urbanek e cols., 1996), com base na concepção de que a identidade genética entre duas populações atuais é igual à identidade esperada no mais alto nó interno que as liga em um dendograma. Nas relações entre línguas, os resultados obtidos dão maior suporte ao modelo proposto por C. Loukotka, que sugere uma origem comum para Arawak e Tupi, tendo estes uma relação mais próxima com Karib e mais distante com Jê. Usando mais populações, observou-se um agrupamento das línguas do Chaco, que se ligaram inicialmente às Jê e depois às Amazônicas. Quanto à distribuição geográfica, os dados de STR mostraram dois agrupamentos, um para as populações do norte e sul do rio Amazonas e outro reunindo as populações que habitam o sudeste do continente e a região andina.