

305

ANÁLISE DAS FREQUÊNCIAS ALÉLICAS DOS SEGMENTOS GÊNICOS TCRBV3S1 E TCRBV18 E DA FREQUÊNCIA DO ALELO CCR5DELTA32 EM UMA POPULAÇÃO INDÍGENA SUL - AMERICANA. *Tabita Hunemeier, Mara H. Hutz, Jose Artur Bogo Chies (orient.)*

(Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS).

As populações indígenas brasileiras foram inicialmente classificadas de acordo com padrões de linguagem, morfologia e polimorfismos protéicos. Dados da literatura indicam que as frequências alélicas de diferentes polimorfismos genéticos são significativamente diferentes entre grupos étnicos. Tendo-se isso em vista, torna-se indispensável o estudo dessa diversidade para que se possa avaliar essas diferenças, além de estabelecer o grau de diversidade dentro de cada grupo. Esta análise pode auxiliar nos estudos sobre o grau de miscigenação e dar subsídios para análise das origens e das rotas migratórias utilizadas por ancestrais, no caso de populações indígenas sul-americanas. No presente trabalho, analisamos por PCR - RFLP, os sistemas polimórficos TCRBV3S1, TCRBV18 e CCR5(32, que são segmentos gênicos ou genes envolvidos no desenvolvimento de resposta imune, em uma população de Kaingangs do sul do Brasil. Foram analisados 71 indivíduos para cada um dos três sistemas polimórficos. Considerando-se o polimorfismo do segmento gênico TCRBV3S1, 32 indivíduos foram genotipados como homozigotos para o alelo 01, 11 indivíduos como homozigotos para o alelo 02 e 28 indivíduos como heterozigotos, sendo a frequência do alelo 01 igual a 0, 648. Para o segmento gênico TCRBV18, 52 indivíduos foram genotipados como homozigotos para o alelo 01, 03 como homozigotos para o alelo 02 e 16 como heterozigotos, e a frequência para o alelo 01 foi igual a 0, 845. Para a variante CCR5(32 do gene CCR5, foram genotipados 66 homozigotos normais e 05 heterozigotos, sendo a frequência para o alelo deletado igual a 0, 035. A população em estudo foi comparada com as populações caucasóide e afro-brasileira de Porto Alegre, japonesa de colônias do Rio Grande do Sul e Santa Catarina e com uma população indígena do norte do Brasil, os Cinta Larga, usando-se o Teste Exato de Fischer ($p=0, 05$). Constatou-se diferença estatisticamente significativa entre os indivíduos da população Kaingang e os indivíduos japoneses em relação ao segmento gênico TCRBV3S1 ($p<0, 00001$) e diferença estatisticamente significativa entre os indivíduos Kaingang e os indivíduos afro-brasileiros ($p=0, 0167$) e Cinta Larga ($p=0, 0007$) em relação ao segmento gênico TCRBV18. A análise destes dados indica, também, existência de miscigenação entre a população Kaingang analisada e indivíduos caucasóides, evidenciada pela presença do alelo CCR5(32 (típico de populações caucasóides).