

ANÁLISE DAS RELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE POPULAÇÕES INDÍGENAS BRASILEIRAS COM BASE EM STRS. Talita Armborst, Sabrina E.M. Almeida, Mara H. Hutz, Sídia M. Callegari-Jacques (Departamento de Genética - Instituto de Biociências, e Departamento de Estatística - Instituto de Matemática, UFRGS).

Os polimorfismos de repetições curtas em *tandem* (STR) têm demonstrado grande potencial informativo na caracterização das populações humanas. Vários estudos foram realizados visando compreender as relações genéticas entre populações indígenas brasileiras, mas são poucos os que envolveram um número maior de locos de STRs. Este trabalho tem por objetivo avaliar as relações entre cinco grupos indígenas (Gavião, Surui, Zoró, Wai Wai e Xavante) quanto a 15 locos de STRs: D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D21S11, CSF1PO, TH01, TPOX, FGA, VWA, CD4 E F13A. Os genótipos foram determinados em seqüenciador automático e as frequências alélicas foram obtidas por contagem gênica. A heterozigosidade média variou entre 0,62 e 0,72. A distância genética entre as populações foi estimada por $(\delta\mu)^2$ e foram gerados dendrogramas por *neighbor-joining*. Foi também realizada uma análise de componentes principais (ACP), como alternativa para a visualização da proximidade genética entre os grupos estudados. Tanto o dendrograma como a ACP mostraram que as populações se reúnem conforme sua afiliação lingüística e localização geográfica. Os resultados relativos a sete dos locos estudados foram comparados com dados da literatura para europeus (portugueses e espanhóis), africanos, asiáticos e neo-brasileiros. Observa-se uma maior proximidade das tribos ameríndias com os asiáticos e uma maior distância em relação a africanos e europeus, enquanto a amostra de neo-brasileiros ficou mais próxima de europeus e africanos. Estes resultados estão de acordo com a proposta de uma origem asiática para os ameríndios e com a história de formação da população brasileira. (CNPq, Pronex, FINEP, Fapergs).