

022

VARIAÇÃO GENÉTICA DE INSERÇÕES ALU EM POVOS NATIVOS BRASILEIROS. *Jaqueline Battilana, Nelson J. R. Fagundes, Loreta B. de Freitas, Sandro L. Bonatto e Francisco M. Salzano* (Depto. de Genética, UFRGS, Porto Alegre, RS).

As inserções Alu são uma família de repetições intercaladas existentes no genoma de primatas. Vários membros desta família surgiram recentemente na história evolutiva do homem, sendo variáveis quanto à presença ou ausência em locos específicos. Estudos comparando a variação genética destas inserções demonstraram que elas são bons marcadores para estudos evolutivos nas populações humanas. Este trabalho tem como objetivo avaliar a utilidade desses marcadores nos estudos da origem e evolução dos povos nativos americanos. Para isso, estão sendo analisados os locos TPA25, ACE, APO, PV92, FXIIB, D1 e A-25 nas tribos brasileiras Xavante, Wai Wai, Gavião, Suruí, Zoró e Cinta Larga, através da técnica de PCR com 'primers' específicos para cada loco. Até o momento, as tribos Gavião e Cinta Larga foram analisadas para todos os locos com exceção de PV92 e D1, e os resultados foram comparados com os dados de outras populações relatados na literatura. As populações foram agrupadas por 'neighbor-joining', utilizando matrizes de distância genética de Nei (standard e DA), e máxima verossimilhança. Os resultados obtidos mostraram que as frequências dos alelos se assemelham àquelas descritas na literatura para outros grupos americanos. A heterozigosidade média dos Gavião foi a menor encontrada para as 23 populações já estudadas. Nas análises, as tribos brasileiras agruparam-se com as demais populações das Américas. Embora os dados sejam preliminares, tais marcadores apresentaram resultados coerentes com os da literatura e deverão contribuir para estudos de processos evolutivos recentes, como o do povoamento das Américas. (FINEP, CNPq, PROPESQ-UFRGS)