



XVI Encontro de Geneticistas do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, de 27 à 29 de julho de 2008

## **Diversidade genômica de nativos americanos e siberianos e sua implicação no povoamento das Américas**

Ribeiro, Alice Tagliani <sup>1</sup>; Fagundes, Nelson Jurandi Rosa <sup>2</sup> e Bonatto, Sandro Luis

Faculdade de Biociências, PUCRS,  
Departamento de Genética, UFRGS

Os processos que levaram ao povoamento das Américas despertam grande interesse em diversas áreas da comunidade científica. Em vista disso, diversas hipóteses foram propostas ao longo do tempo tratando de aspectos fundamentais do povoamento das Américas, como o número e idade das ondas migratórias responsáveis pela ocupação do continente, o local de origem dos primeiros habitantes e o tamanho da população fundadora. Dentre esses, o tamanho da população fundadora é o ponto que permanece mais elusivo. Poucos trabalhos moleculares sobre esse assunto estimaram dados quantitativos, e os que o fizeram apontam valores discordantes entre si - variando entre cerca de 80 até mais de 1000 indivíduos para a população efetiva. O estudo de múltiplos locos autossômicos em um mesmo conjunto de indivíduos é especialmente adequado para estimar a dinâmica populacional, pois a análise de muitos locos permite levar em conta adequadamente os fatores estocásticos que determinam a genealogia de cada loco individualmente. Dessa forma, o objetivo desse trabalho é utilizar 10 locos autossômicos longos (~10kpb) para comparar os padrões de diversidade nuclear entre nativos americanos e siberianos, avaliar a relação entre o tamanho populacional dos mesmos e então estimar se houve redução de variabilidade durante a colonização das Américas. As amostras de DNA foram amplificadas por PCR, e seqüenciadas automaticamente no MegaBACE1000. Foram seqüenciadas ~1,25kpb das regiões distais de 10 regiões intergênicas em dez nativos americanos e dez siberianos, totalizando cerca de 25kpb por indivíduo. Os padrões de diversidade foram analisados no programa DNAsp. As estatísticas sumário revelam que os valores de diversidade genética entre nativos americanos e siberianos são virtualmente idênticos. O teste de neutralidade de Tajima aponta que nos americanos somente um loco é estatisticamente significativo e positivo, enquanto nos siberianos não houve significância estatística para nenhum loco, apesar de uma maior predominância de valores negativos no teste de neutralidade  $F_s$  de  $F_u$ . Em conjunto, esses resultados indicam um ligeiro efeito gargalo-de-garrafa nos nativos americanos, embora não forte o suficiente para afetar de uma forma significativa a diversidade genética em vários locos. Pretendemos utilizar análises mais sofisticadas que permitam calcular com maior precisão os tamanhos populacionais e tempo de divergência entre essas populações.

**Financiamento: CNPq**