

## Sessão 34

### Genética Humana I

**298**

**VARIAÇÕES DEMOGRÁFICAS PRÉ-HISTÓRICAS DO HOMO SAPIENS ESTIMADAS A PARTIR DO GENOMA MITOCONDRIAL.** Ricardo Kanitz, Nelson J R Fagundes, Sandro Luis Bonatto (*orient.*) (UFRGS).

A partir de seqüências completas da região codificante do mtDNA, foram estimadas as variações demográficas dos humanos na pré-história pelo método de Skyline plot bayesiano. As análises foram feitas sobre conjuntos de seqüências dos diferentes continentes. Verificou-se um crescimento linear para africanos há até 12 mil anos; para não-africanos, viu-se uma grande expansão há 65 mil anos, que deve estar relacionada à saída da África, partindo de cerca de 20 mil indivíduos e chegando a quatro milhões. Um segundo evento de crescimento exponencial foi detectado para não-africanos e também africanos em torno de 13 mil anos atrás coincidente com fim da última era glacial e com a transição da maioria das populações humanas para o neolítico. Com essa expansão os humanos teriam chegado a 50 milhões de indivíduos fora da África. Tal evento reflete também o padrão encontrado para europeus com cerca de 360 mil pessoas há 15 mil anos chegando a mais de 18 milhões depois da expansão. Uma onda de crescimento anterior – de 90 mil para 400 mil pessoas – também pôde ser captada para a Europa há 60 mil anos provavelmente relacionada ao primeiro povoamento daquele continente. Para as Américas verificou-se um sinal de expansão a partir de 23 mil anos atrás precedido por um bottleneck começado há 30 mil anos. Antes do efeito de restrição, o tamanho populacional foi estimado em torno de 100 mil passando por 50 mil e chegando, depois da expansão, a cerca de nove milhões. A dinâmica de outros continentes ainda está sendo estudada, mas todos aparentam ter um padrão geral de crescimento contínuo. Esses resultados oferecem um melhor entendimento da dinâmica demográfica do *Homo sapiens* que integrada a outros dados podem ajudar a resolver problemas mais específicos da evolução humana.