

023

POLIMORFISMOS DE INSERÇÕES *ALU* RECENTES EM POPULAÇÕES INDÍGENAS SUL-AMERICANAS. Cristina Baldauf, Sandro L. Bonatto, Loreta B. de Freitas e Francisco M. Salzano (Depto. Genética, UFRGS)

Cerca de 60% do genoma humano é composto de seqüências de DNA repetitivo. As seqüências chamadas *Alu* compõem a família de pequenas repetições mais abundantes em genomas de primatas. A grande maioria dos elementos *Alu* no genoma humano não está sujeita a perda ou rearranjos, sendo portanto marcadores genéticos estáveis. Embora a maioria das repetições *Alu* tenha amplificado há muito tempo, algumas famílias ocorrem apenas em humanos, sendo muitos desses locos polimórficos. Estudos anteriores mostraram que estes marcadores podem ser bastante úteis em estudos evolutivos populacionais. O objetivo deste trabalho é estudar a freqüência de inserções *Alu* em sete locos diferentes, recentemente descobertos, em 5 populações nativas sul-americanas. As populações são: Xavante ($n=25$), Zoró ($n=30$), Gavião ($n=27$), Suruí ($n=24$) e Wai Wai ($n=26$). Com isto avaliaremos a utilidade destes marcadores para o estudo da origem e evolução dos povos indígenas das Américas. A amplificação dos fragmentos desejados é realizada através da técnica de PCR a partir de DNA genômico total, com a utilização de primers específicos para cada loco. Até o presente momento a freqüência da inserção foi estimada em duas tribos (Gavião e Wai Wai). Para o loco Hs3.23 foi encontrada freqüência de 0,325 nos Gaviões e 0,69 nos Wai Wai e para o loco Hs4.32 as freqüências obtidas para Gaviões e Wai Wai foram de 0,16 e 0,05, respectivamente. (CNPq, FINEP)