

Os retrovírus endógenos humanos (HERVs) sofreram integração ao genoma humano há milhares de anos, entretanto alguns desses elementos ainda são polimórficos e podem apresentar alguma atividade, cuja real consequência ainda é desconhecida. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi verificar a presença de dois HERVs, K68 e K113, em amostras de DNA de indivíduos saudáveis. Utilizou-se um  $n$  de 40 amostras. Para realizar a busca dos HERVs, foi feita uma reação em cadeia da polimerase (PCR). Dessa maneira, foram desenhados *primers* dirigidos para as regiões flanqueadoras de cada provírus, localizadas no cromossomo 3 (para o HERV-K68) e no cromossomo 19 (para o HERV-K113), além de *primers* para as LTRs 5' e 3' dos provírus. Os *primers* foram desenhados de modo que os produtos da PCR tivessem tamanhos diferentes, a fim de facilitar a visualização dos resultados. Das 40 amostras analisadas, 40 (100%) foram positivas para a presença do HERV-K68, e apenas 7 (17,5%) foram positivas para a presença do HERV-K113. Os resultados obtidos para o HERV-K68 com as amostras analisadas estão de acordo com outros estudos que demonstram a presença desse retrovírus em praticamente todos os indivíduos da espécie humana. Já a presença do HERV-K113 no genoma humano é mais variável, conforme mostrado por estudos anteriores com populações africanas (em torno de 30%) e com caucasianos (cerca de 5%). Dessa forma, os resultados obtidos no presente estudo, para o HERV-K113 (17,5%), refletem a grande miscigenação da população brasileira.