

308

VARIABILIDADE DE INSERÇÕES ALU EM INDIVÍDUOS NATIVOS DAS AMÉRICAS, DA MONGÓLIA E DA SIBÉRIA. *Ângela Goldani, Ana Helena Heller, Jaqueline Battilana, Claudia L. Dornelles, Renata Schmitt, Loreta B. Freitas, Francisco M. Salzano e Sandro L. Bonatto** (Departamento de Genética – UFRGS, *Faculdade de Biociências – PUCRS)

Seqüências de DNA repetitivo compreendem aproximadamente 60% do genoma humano. A família de SINEs chamada *Alu* é a mais abundante em genoma de primatas. A grande maioria dos elementos *Alu* no genoma humano, uma vez inserida em uma localização cromossômica específica, não está sujeita a perda ou rearranjo, sendo portanto marcadores genéticos estáveis. Em alguns desses locos, a inserção é tão recente na espécie humana que são polimórficos. O objetivo deste trabalho é comparar os polimorfismos de inserção de elementos *Alu* de 8 locos em indivíduos da Mongólia (de duas populações – Khoton e Khalkh), nativos das Américas e da Sibéria. A amplificação dos fragmentos é realizada através da técnica de PCR (Polymerase Chain Reaction), a partir do DNA genômico total. Os 8 locos utilizados para análise comparativa até o momento foram: ACE, TPA, APO, FXIII, 323, DI, PV92 e A25. Os resultados foram analisados pelos métodos de agrupamento de neighbor-joining e coordenadas principais utilizando matrizes de distância de Nei e proporção de alelos compartilhados. Pelo agrupamento de neighbor-joining os indivíduos da Mongólia, com exceção de dois, se agruparam juntos e distanciaram dos indivíduos das populações nativas americanas e siberianas. Através da análise de coordenadas principais obteve-se resultados muito semelhantes em que as duas populações da Mongólia não se separaram entre si, mas distanciaram das populações americanas e siberianas. Subvenção: PRONEX, FINEP, CNPq, FAPERGS, PROPESQ-UFRGS, BPA-PUCRS