



Nº 121 – IDENTIFICAÇÃO DE ILHAS DE HOMOZIGOSE EM PORCOS DA RAÇA MOURA E COMERCIAIS

KARINE APARECIDA RODRIGUES DE SOUZA⁽¹⁾; DARILENE URSULA TYSKA¹; ALEXANDRA FABIELLE PEREIRA VIANA¹; ROSYARA PEDRINA MARIA MONTANHA JULIATTO²; MARSON BRUCK WARPECHOWSKI²; MÔNICA CORRÊA LEDUR³; KALINE ALESSANDRA LIMA DE SÁ²; AGNE HOLOWKA RIBEIRO²; JULIANA SPEROTTO BRUM²; JOSÉ BRACCINI NETO¹

¹ Universidade Federal do Rio Grande do Sul. ² Universidade Federal do Paraná. ³ Embrapa Suínos e Aves

OBJETIVOS

Identificar ilhas de homozigose em populações de porcos da raça Moura (raça crioula) contrastando com as raças comerciais Duroc, Landrace, Large White e Pietrain por meio de análises de corridas de homozigose (ROH).

MATERIAL E MÉTODOS

O banco de genótipos foi formado por 75 porcos da raça Moura de quatro regiões do Brasil (Sul, Sudeste, Nordeste e Centro-Oeste) e 8 animais de cada uma das raças comerciais (Duroc, Landrace, Large White e Pietrain), genotipados com o Illumina Porcine v2 BeadChip com 61.565 SNPs. Foram incorporados 352 animais das raças: Moura (n=9), Duroc (n=79), Landrace (n=130), Large White (n=76) e Pietrain (n=58), obtidos do repositório digital Dryad contendo 61.772 SNPs, totalizando 459 animais e 61.565 SNPs. Utilizou-se o software PLINK v1.9 para identificação das ROHs onde 1% dos SNPs mais frequentes e suas respectivas regiões genômicas foram denominadas “ilhas de ROH”.

RESULTADOS

Genes *VCAN*, *BHMT* e *BHMT2* associados ao metabolismo lipídico e a organização das fibras musculares.

Gene *SEMA7A* associado à resolução da inflamação grave em crianças e camundongos.

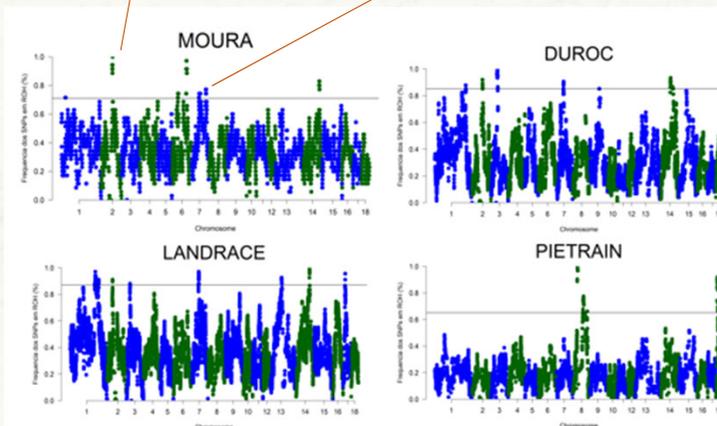


Figura 1 Gráfico de Manhattan da distribuição de frequência de ROH nos genomas dos porcos estudados. A linha paralela ao eixo X mostra o limite de 1% (ilhas de ROH) para as maiores ocorrências de SNP em ROH em uma escala de frequência

Tabela 1 – Principais regiões compartilhadas pela população, e Ontologia de Genes (P<0,05)

SSC ¹	Início, Mb ²	Final, Mb ²	Tamanho, Mb ²	Genes	Raças
7	54	61	7	<i>SEMA7A</i>	DU, LD E MO
2	87	91	4	<i>XRCC4</i> , <i>VCAN</i> , <i>BHMT</i> E <i>BHMT2</i>	DU E MO

¹ SSC: *Sus Scrofa*; ² Megabase; DU = Duroc; LD = Landrace; MO = Moura.

CONCLUSÃO

Esses resultados revelaram regiões genômicas sob seleção na raça Moura, que abrigam genes potencialmente interessantes para uma seleção direcionada em linhagens comerciais.

AGRADECIMENTOS

