



VARIABILIDADE EM GENES DO GENOMA MITOCONDRIAL DE SUÍNOS

ELIZABETE CRISTINA DA SILVA¹; ERICA BIANCO²; CONCEPTA McMANUS³;
SAMUEL REZENDE PAIVA⁴; MIGUEL PÉREZ-ENCISO⁵

¹Zootecnista, estudante de pós-graduação, Universidade de Brasília-UnB, Campus Darcy Ribeiro-DF, e-mail: bete_zootec@hotmail.com

²Bióloga, estudante de pós-graduação, Universidade Autônoma de Barcelona, e-mail: william.burgos@cragenomica.es

³Professora da UnB, Campus Darcy Ribeiro, DF, e-mail: concepta@unb.br

⁴Pesquisador, Embrapa LABEX, EUA, Secretaria de Relações Internacionais e-mail: samuel.paiva@embrapa.br

⁵Pesquisador, Instituto Catalão de Pesquisa e Estudos Avançados (ICREA), e-mail: miguel.perez@uab.es

Resumo: Para estudar a variabilidade e identificar presença de seleção no genoma mitocondrial de suínos foi realizada a comparação da sequência completa de 13 genes (11.403 pb) em 94 amostras de suínos domésticos da Europa (EUD, N=28); da América do Sul e Caribe (AME, N=14); da Ásia (ASD, N=27); e de javalis da Europa (EUWB, N=14) e da Ásia (ASWB, N=11). A diversidade nucleotídica para os 13 genes variou de 0,003 a 0,008 e foi mais alta para ASWB (0,011) e mais baixa para AME (0,006). Os genes ATPase6, NADH4L, NADH4 e NADH6 foram mais polimórficos em sítios não-sinônimos nos grupos ASWB, EUD e AME, enquanto os genes ATPase6 e NADH4 mostraram mais diferenças não-sinônimas nos cinco grupos, sugerindo a presença de seleção positiva. O teste de McDonald–Kreitman realizado por gene e por grupo confirmou o padrão de não neutralidade em pelo menos seis genes (NADH1, NADH2, COX3, NADH3, NADH4 e NADH5). Apesar de alguns genes apresentarem muitas mutações não sinônimas, a taxa de fixação dessas mutações foi reduzida possivelmente pela ausência de seleção positiva. Portanto, as estatísticas baseadas nas mutações não sinônimas versus sinônimas indicaram que a seleção direcional foi, como esperado, predominante nos genes do mtDNA de suínos.

Palavras-chave: mtDNA; genes codificadores; *Sus scrofa*