

## Polimorfismos de nucleotídeo único sobre o genoma de bovinos taurinos.

COSTA, Marco André Paldês da<sup>1,4</sup>; ALMEIDA, Diones Bender<sup>1</sup>; BASSINI, Liane Ney<sup>2</sup>, DODE, Maria Eduarda Bicca<sup>2</sup>; MAIA, Luciano Carlos da<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPel; <sup>2</sup>Laboratório de Engenharia Genética Animal, UFPel; <sup>3</sup>Centro de Genômica e Fitomelhoramento, UFPel;  
<sup>4</sup>Autor correspondente: mapc.mv@gmail.com

MOREIRA, Heden Luiz Marques  
Departamento de Zoologia e Genética, UFPel.

### 1 INTRODUÇÃO

A disponibilização de construções do genoma bovino (ELSIK, et al. 2009) e resultados de grupos de pesquisa independentes em repositórios públicos de livre acesso propicia que um grande volume de dados sobre a espécie seja compartilhado. Como questões pontuais sobre problemáticas específicas direcionam grande parte das investigações, a triagem e garimpo de tais informações são os primeiros passos para o direcionamento de objetivos e metas.

Metodologias envolvendo marcadores moleculares já são hoje comercialmente disponíveis a pecuária de corte bovina. A identificação de paternidade, diagnóstico de doenças hereditárias, entre outros, são exemplos de serviços prestados (CAETANO 2009). Perspectivas para os anos futuros são ainda maiores, principalmente para a estimação do mérito genético de reprodutores em programas de melhoramento genético e para a rastreabilidade da cadeia produtiva.

Polimorfismos de nucleotídeo único (SNP – *Single Nucleotide Polymorphism*) são mutações de apenas uma base em uma sequência de nucleotídeos (CAETANO 2009). Com o advento de plataformas de alta densidade de marcadores, grandes quantidades desses *loci* podem ser genotipados em um mesmo ensaio (MATUKUMALLI, et al. 2009). Do mesmo modo, tecnologias modernas de seqüenciamento permitem que seqüências genômicas sejam determinadas em curtos intervalos de tempo (VALOUEV, et al. 2008).

O objetivo desse trabalho foi descrever a distribuição de polimorfismos de nucleotídeo único ao longo do genoma de bovinos taurinos.

### 2 MATERIAL E MÉTODOS

A partir do repositório de dados para polimorfismos de nucleotídeo único (dbSNP) do *National Center for Biotechnology Information/NCBI*, arquivos contendo informações referente a bovinos taurinos (*Bos taurus*; TaxID: 9913) foram importados e analisados por um script desenvolvido em linguagem Pascal. Posteriormente, os resultados foram exportados para planilhas eletrônicas (.xls) a fim de facilitar a interpretação dos mesmos.

Três medidas foram usadas para descrever a distribuição dos SNPs sobre os vinte e nove cromossomos autossômicos (Bta1-29) e um cromossomo sexual (BtaX): ocorrência, frequência e distância. A ocorrência descreve o número de marcadores identificados. A frequência é a razão entre o número de marcadores a cada milhão de pares de base (Mb). Já a distância informa o intervalo em pares de base entre cada SNP.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

A tabela 1 resume os resultados das medidas adotadas para descrever a distribuição de SNPs ao longo do genoma de bovinos taurinos.

Tabela 1 - Distribuição de polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) ao longo do genoma de bovinos taurinos.

Bta	Mb	%	Ocorrência	% Oc.	Freq. (SNP/Mb)	Dist. (Pb/SNP)
1	161,11	6,12	142.379	7,35	883,76	1131,53
2	140,80	5,34	81.816	4,23	581,08	1720,94
3	127,92	4,86	86.335	4,46	674,89	1481,71
4	124,45	4,72	105.819	5,47	850,26	1176,10
5	125,85	4,78	54.404	2,81	432,30	2313,21
6	122,56	4,65	104.089	5,38	849,28	1177,46
7	112,08	4,25	90.175	4,66	804,57	1242,90
8	116,94	4,44	102.443	5,29	876,01	1141,54
9	108,15	4,11	65.937	3,41	609,71	1640,13
10	106,38	4,04	76.453	3,95	718,65	1391,49
11	110,17	4,18	63.206	3,26	573,70	1743,06
12	85,36	3,24	53.898	2,78	631,43	1583,71
13	84,42	3,20	67.238	3,47	796,48	1255,53
14	81,35	3,09	57.206	2,95	703,25	1421,98
15	84,63	3,21	92.411	4,77	1091,90	915,84
16	77,91	2,96	65.856	3,40	845,33	1182,98
17	76,51	2,90	54.514	2,82	712,54	1403,44
18	66,14	2,51	63.865	3,30	965,58	1035,64
19	65,31	2,48	39.885	2,06	610,68	1637,52
20	75,80	2,88	75.062	3,88	990,31	1009,78
21	69,17	2,63	52.160	2,69	754,05	1326,18
22	61,85	2,35	48.930	2,53	791,13	1264,01
23	53,38	2,03	22.732	1,17	425,88	2348,06
24	65,02	2,47	30.731	1,59	472,64	2115,79
25	44,06	1,67	28.307	1,46	642,46	1556,52
26	51,75	1,96	53.463	2,76	1033,09	967,97
27	48,75	1,85	39.649	2,05	813,32	1229,52
28	46,08	1,75	39.978	2,06	867,50	1152,74
29	52,00	1,97	62.607	3,23	1204,01	830,56
X	88,52	3,36	14.455	0,75	163,30	6123,60
Total	2.634,41	---	1.936.003	---	---	---

Bta: referência aos cromossomos de bovinos taurinos (*Bos taurus*); Mb: megabase ou um milhão de pares de base; %: proporção do genoma atribuída ao cromossomo; % Oc.: proporção das ocorrências atribuídas ao cromossomo; Freq.: Frequência média ou número médio de SNPs por megabase; Dist.: Distância média em pares de base entre SNPs.

No total 1.936.003 sítios foram identificados, com média de  $64.533,43 \pm 5105,05$  SNPs por cromossomo. Bta1 (142.379) concentrou o maior número de ocorrências enquanto BtaX (14.455) o menor. Quanto a frequência de SNPs, em média  $745,64 \pm 39,48$  loci foram observados a cada milhão de pares de

base, com grandes contrastes entre os extremos Bta29 (1204,01) e BtaX (163,30). A cada  $1550,71 \pm 172,05$  pares de base um ponto polimórfico foi observado, onde os maiores intervalos ocorrem em BtaX (6123,6 Pb/SNP) e os menores em Bta29 (830,56 Pb/SNP). A menor destas distâncias seria suficiente para saturar todas as regiões contendo *loci* de caracteres quantitativos (MCKAY, et al. 2007) e contornar dificuldades referentes as frequências alélicas mínimas (MAF - *Minor Allele Frequency*) para a seleção genômica (MATUKUMALLI, et al. 2009).

Embora as duas medidas sejam dependentes do número de ocorrências de SNPs e tenham plena correlação (negativa), frequência e distância remetem grandezas com significados diferentes. Ao utilizar tais medidas, erros decorrentes da comparação de cromossomos com tamanhos diferentes são eliminados uma vez que ambas são ajustadas em função desse fator.

Além de maximizar o aproveitamento de metodologias modernas de genotipagem e seqüenciamento para a prospecção de SNPs, a caracterização da distribuição desses *loci* ao longo do genoma de bovinos taurinos faz parte da elucidação de adaptações evolutivas e de respostas a seleção.

#### 4 CONCLUSÕES

As frequências médias de polimorfismos de nucleotídeo único em intervalos regulares e as distâncias médias intercalando suas observações demonstraram a ampla distribuição desses *loci* ao longo genoma de bovinos taurinos.

#### 5 REFERÊNCIAS

- CAETANO, A.R. Marcadores SNP: coneitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectiva para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.spe, p.64-71, 2009.
- ELSIK, C.G., et al. The genome sequence of taurine cattle: a window to ruminant biology and evolution. **Science**, v.324, n.5926, p.522-528, 2009.
- MATUKUMALLI, L.K.; LAWLEY, C.T.; SCHNABEL, R.D.; TAYLOR, J.F.; ALLAN, M.F.; HEATON, M.P.; O'CONNELL, J.; MOORE, S.S.; SMITH, T.P.; SONSTEGARD, T.S.; VAN TASSELL, C.P. Development and characterization of a high density SNP genotyping assay for cattle. **PLoS One**, v.4, n.4, p.e5350, 2009.
- MCKAY, S.D., et al. Whole genome linkage disequilibrium maps in cattle. **BMC Genetics**, v.8, p.74, 2007.
- VALOUEV, A.; ICHIKAWA, J.; TONTHAT, T.; STUART, J.; RANADE, S.; PECKHAM, H.; ZENG, K.; MALEK, J.A.; COSTA, G.; MCKERNAN, K.; SIDOW, A.; FIRE, A.; JOHNSON, S.M. A high-resolution, nucleosome position map of *C. elegans* reveals a lack of universal sequence-dictated positioning. **Genome Research**, v.18, n.7, p.1051-1063, 2008.