

III SEMANA DO CONHECIMENTO

Marque a opção do tipo de trabalho que está inscrevendo:

Resumo

Relato de Caso

Identificação de regiões cromossômicas envolvidas com o aparecimento de hérnias escrotais em suínos, com o uso de corridas de homozigose genômica

AUTOR PRINCIPAL: Arthur Nery da Silva

CO-AUTORES: Luisa Vitória Lago, Eraldo L. Zanella, Mariana G. Marques, Jane O. Peixoto, Marcos V.G. B. da Silva, Mônica C. Ledur

ORIENTADOR: Ricardo Zanella

UNIVERSIDADE: Universidade de Passo Fundo.

INTRODUÇÃO:

Na indústria de suinícola, hérnias são consideradas um problema importante devido às perdas econômicas causadas aos produtores, além da dor, estresse e falta de bem-estar para os animais (Du et al., 2009). Ela está entre os defeitos congênitos mais comum identificada na indústria de suínos (Du et al., 2009). Geralmente as hérnias são encontrados em frequências entre 1,7 a 6,7% no entanto eles podem exceder 7 % (Sobestiansky et al. , 2012). Foi proposto que o aparecimento de hérnias escrotais estavam ligadas a certas linhas de suínos, tendo estimativas de herdabilidade para esta condição sendo moderada a alta 0,2- 0,86 (Beuermann, 2009). No entanto, mesmo evitando usar essas linhas de suínos não foi possível a eliminação deste problema dos rebanhos, indicando que os alelos predisponentes para a formação de hérnias ainda estão circulando nos animais. Portanto, no presente estudo, nós temos examinar os efeitos de corridas de homozigose (ROH) com a formação de hérnias escrotais em suínos.

III SEMANA DO CONHECIMENTO

DESENVOLVIMENTO:

Este estudo foi realizado em parceria com a Embrapa Suínos e Aves e Universidade de Passo Fundo e teve a aprovação do Comitê de Uso de Animais para todos protocolos experimentais usados (CEUA / UPF 032/2014). Sessenta e oito leitões machos cruzados de idade semelhantes foram usados neste estudo. Destes, 41 tinham a presença de hérnias escrotais e 27 eram normais. Amostras de tecido dos animais, foram coletadas individualmente através da perfuração da orelha durante a morte. As amostras foram colocadas em um tubo eppendorf e o DNA genômico foi extraído com o kit PureLink® Mini Kit (Invitrogen), de acordo com as instruções do fabricante. A quantidade e a qualidade do DNA foram mensuradas utilizando o espectrofotômetro NanoDrop ND-2000 (NanoDrop Technologies Inc., Wilmington, DE) e genotipadas na Deoxy usando o chip da Illumina PorcineSNP60V2 BeadChip que contém 61565 SNPs. Pós genotipagem, realizou-se o controle de qualidade dos dados usando o Plink (Purcell et al., 2007). SNPs foram removidos se tinham uma frequência alélica mínima menor que 1% ou se eles falharam em mais de 10 % das amostras ou se eles falharam teste de Hardy Weinberg em um P -valor <math>< 9.5e^{-07}</math>. Somente marcadores autossômicos com um nível de desequilíbrio de ligação entre eles menor que 0,02 foram usadas nesta análise. Regiões de homozigose (ROH) foram então identificadas entre todos os animais com um comprimento mínimo segmento de 1.000 kb e 100 SNPs por segmento (Tabela 1). A seguir, os indivíduos da mesma classificação fenotípica foram então agrupadas e da frequência do aparecimento de um segmento de haplótipos específicos foram identificados. Efetuou-se a comparação da frequência dos segmentos de homozigose entre os grupos dos animais, usando 1000000 permutações, para calcular a existência de uma maior taxa de segmentos compartilhados entre caso / caso do que o esperado. Diferença foi considerada significativa se $(p < 0,05)$.

III SEMANA DO CONHECIMENTO

CONSIDERAÇÕES FINAIS:

O nosso estudo foi capaz de identificar um sinal de associação no cromossomo 2 (Figura 1) utilizando as corridas de homozigose. Região similar foi previamente descrita em outros trabalhos usando estudos de associação gênica. Este foi o primeiro trabalho a descrever o uso de regiões de homozigose para a identificação de regiões cromossomais envolvidas com o aparecimento de anomalias em animais.

REFERÊNCIAS:

Sobestiansky J., Carvalho L.F.O.S. & Barcellos D. 2012. Malformações, p.627-645. In: Sobestiansky J. & Barcellos D. (Eds), Doenças dos Suínos. 2ª ed. Cãnone Editorial, Goiânia

Du, Z.-Q., Zhao, X., Vukasinovic, N., Rodriguez, F., Clutter, A.C., Rothschild, M.F., 2009. Association and haplotype analyses of positional candidate genes in five genomic regions linked to scrotal hernia in commercial pig lines. PLoS one 4, e4837.

Beuermann, C., 2009. Molekulargenetische und physiologische Untersuchungen zur Vererbung des Erbdefektes Hernia inguinalis / scrotalis beim Schwein. Georg-August-Universität Göttingen.

Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M.A.R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P.I.W., Daly, M.J., Sham, P.C., 2007. PLINK: A Tool Set for Whole-Genome Association and Population-Based Linkage Analyses. The American Journal of Human Genetics 81, 559–575.

NÚMERO DA APROVAÇÃO CEP OU CEUA (para trabalhos de pesquisa): CEUA / UPF 032/2014

III SEMANA DO CONHECIMENTO

Universidade e comunidade
em transformação

3 a 7 DE OUTUBRO
DE 2016

ANEXOS:

Cromossomo	Número de SNPs
1	353
2	225
3	196
4	238
5	190
6	181
7	257
8	230
9	202
10	175
11	162
12	132
13	259
14	235
15	238
16	130
17	121
18	97
Total	3621

Tabela 1: Número de marcadores usados por cromossomo para identificação de regiões de homozigose.

III SEMANA DO CONHECIMENTO

Universidade e comunidade em transformação

3 a 7 DE OUTUBRO DE 2016

Figura 1: Associação de segmentos de homozigose com o aparecimento de hérnias.

