

# Análise dos Polimorfismos do Gene HSP70.1 em Três Espécies

Rita C. L. Idalino\*, Danielle L. Roges\*, Kleber R. Santoro†

Universidade Federal Rural de Pernambuco

(ritalimex@yahoo.com.br, dani.loureiro@yahoo.com.br, krsantoro@uag.ufrpe.br)

Abril, 2010

---

## Resumo

Este trabalho foi realizado com o objetivo de conhecer as características associadas a similaridade e ao grau de polimorfismo presente em três espécies de animais, *Bos taurus*, *Ovis aries* e *Capra irca* com base no gene HSP70.1 que é um dos responsáveis pelo surgimento da mastite. A partir do alinhamento das sequências genéticas foi possível comparar as três espécies em estudo bem como quantificar os polimorfismos existentes.

**Palavras-Chave:** sequências genéticas; alinhamento; melhoramento animal

---

---

\*Alunas do Programa de Pós Graduação em Biometria e Estatística Aplicada

†Professor do Programa de Pós Graduação em Biometria e Estatística Aplicada

# 1 Introdução

A pesquisa genômica é de grande interesse para diversas áreas que compõem uma população. Por isso, o entendimento de como os genes influenciam na aparição de determinadas doenças é de grande importância para a criação de métodos de diagnósticos e drogas apropriadas. A maioria dos genes apresenta uma grande frequência de variações alélicas, conhecidas como polimorfismos. Estas variações podem ser a chave para a resistência que algumas espécies de animais apresentam a certas doenças.

A genômica animal é uma realidade presente nos programas de melhoramento e os impactos das aplicações desses métodos podem ser notados em várias áreas da produção animal. O estudo da biologia molecular representa hoje uma das áreas de maior potencial para a realização de pesquisas, considerando-se não apenas sua grande relevância clínica e epidemiológica, mas também pela possibilidade de aplicação de ferramentas estatísticas.

A mastite é uma inflamação da glândula mamária causada pelos mais diversos agentes. É considerada uma das doenças mais comuns na pecuária leiteira e que acarreta diversos prejuízos aos criadores, pois ela diminui a produção de leite, compromete a qualidade deste, desvaloriza comercialmente o animal e pode até causar a morte dele por infecção irreversível.

O controle preventivo de doenças como a mastite proporciona um aumento de produtividade, maior qualidade dos produtos e redução os custos para o criador. O melhoramento genético animal auxilia no controle e até na eliminação de algumas doenças quando altera geneticamente populações de animais aumentando a frequência de genes (ou alelos) e de genótipos desejáveis refletindo favoravelmente no mérito fenotípico médio de características destas populações que sejam importantes economicamente.

Polimorfismo é a capacidade de uma molécula cristalizar em duas ou mais formas. Ele é o responsável pelas diferenças nas propriedades físico-químicas dos polimorfos como solubilidade, ponto de fusão, densidade, dureza, configuração do cristal, propriedades ópticas e elétricas e pressão de vapor. A sua detecção é extremamente necessária, pois os polimorfos podem possuir diferenças que alterem a qualidade e eficácia terapêutica de medicamentos, tendo um efeito antagônico e/ou tóxico.

A identificação bem como a análise do polimorfismo dos genes pode ter um impacto positivo no melhoramento animal, principalmente em características de mensuração tardia e dificultosa para o pecuarista.

O objetivo deste projeto é verificar a existência de polimorfismo do gene HSP70.1, que é um dos genes que indicam o acometimento de mastite em vacas, ovelhas e cabras e realizar uma análise estatística multivariada destes eventos.

## 2 Metodologia

Com o auxílio de técnicas de bioinformática foi possível realizar os alinhamentos das sequências genéticas do gene HSP70.1 das três espécies em estudo com o intuito de obter o número de polimorfismos, a similaridade existente entre as sequências e a sequência consenso. Para realização da análise, foi utilizado o *software* DAMBE (*Data Analysis in Molecular Biology and Evolution*). As sequências genéticas foram obtidas junto ao GenBank, banco de dados mundial que contém sequências genéticas produzidas pelo NCBI (*National Center for Biotechnology Information*).

A partir dos resultados dos alinhamentos, foi feita uma análise descritiva da similaridade e dos polimorfismos presentes em cada sequência genética.

## 3 Resultados e Discussões

Uma vez representadas as sequências de nucleotídeos, podemos compará-las em busca de similaridades em suas estruturas. Essa comparação permite inferir sobre as propriedades de uma determinada molécula baseando-se em propriedades conhecidas da outra. A sequência real que se aproxima ao consenso teórico, ou seja, a igualdade entre as demais sequência que pretende-se alinhar é chamada de sequência consenso e será com base nela que será identificada a chance que cada espécie pode ter de desenvolver a mastite, uma vez que o gene em estudo, HSP70.1 é classificado como fator de *stress* causador dessa doença.

A Tabela 1 apresenta a distribuição de frequência em cada espécie por bases de nucleotídeos e as respectivas porcentagens. Uma vez que o alinhamento é realizado e com base na sequência de consenso é possível observar que a similaridade é igual entre as três espécies.

Tabela 1: Distribuição de frequência da Similaridade entre as sequências genéticas em estudo.

Espécies	Similaridade	(%)
Boi	1619	39,25
Ovelha	589	14,28
Cabra	1917	46,47
<b>Total</b>	<b>4125</b>	<b>100,00</b>

Com relação a frequência de polimorfismos que existem entre as espécies, observa-se que, para cada espécie o quanto cada uma difere da sequência consenso em termos de porcentagem.

Tabela 2: Distribuição de frequência dos Polimorfismos entre as sequências genéticas em estudo.

Espécies	Polimorfismos	(%)
Boi	650	24,24
Ovelha	1680	62,64
Cabra	352	13,12
<b>Total</b>	<b>2682</b>	<b>100,00</b>

A partir da análise dos alinhamentos das sequências do gene HSP70.1 das três espécies estudados, Boi (*Bos taurus*), Ovelha (*Ovis aries*) e Cabra (*Capra hircus*), com a sequência consenso concluiu-se que, o gene da cabra é o que apresenta maior similaridade com a sequência consenso, ou seja, 46,47%, já para a análise do polimorfismo, o maior percentual está associado ao gene da ovelha, que foi igual 62,64%. No estudo da composição foi possível observar que a sequência do gene do Bos Taurus é o que possui frequências de bases mais semelhantes as frequências de base da sequência consenso, fornecendo um indicativo que entre as três espécies, esta é mais propensa a desenvolver a doença. No entanto, algumas análises ainda precisam ser realizadas para se ter a real dimensão da influência desses genes no desenvolvimento da mastite.

## 4 Referencias Bibliográficas

Barbalho, T.C.F.; Mota, R. A. Isolamento de agentes bacterianos envolvidos em mastite subclínica bovina no estado de Pernambuco. *Revista Brasileira de Produção Animal*, v. 2, n. 2, p. 31-36. 2001.

Baxevanis, A. D., Ouellette, B. F. F., 2001, *Bioinformatics - A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. New York. A John Wiley & Sons, Inc., Publication, 489p.

Langoni, H. Complexidade etiológica na mastite bovina. In: III Encontro de pesquisadores em mastite, 1999, Botucatu. *Anais Botucatu: FMVZ/UNESP, 1999, 172P. P. 3-14.*

Leite, R.C. , Brito, J.R.F., e Figueiredo, J.B. Alterações da glândula mamária de vacas tratadas intensivamente via mamária, com penicilina em veículo aquoso. *Arq. Esc. Vet., UFMG*, v.28, p.27-31. 1976.

Dillon, W. R. *Multivariate analysis*. Canadá. John Wiley e Sons, 1984.

Mingotti, S. A. *Análise de dados através de métodos de estatística multivariada*. Belo Horizonte: Editora UFMG, 2005, 295p.

Vianni, M.C.E., Lázaro, N.S. Perfil de suscetibilidade a antimicrobianos em amostras de cocos Gram-positivos, catalase negativos, isolados de mastite subclínica bubalina. *Pesq. Veterin. Bras.* n.23, p.47-51. 2003.

Xia, X., 2007, *Bioinformatics and the cell - Modern Computacional Approaches in Genomics, Proteomics and Transcriptomics*. New York. Springer, 363p.

Xia, X., 2002, *Data Analysis in Molecular Biology and Evolution*. New York. Kluwer Academic Publishers, 284p.