

Identificação de SNPs associados a ilhas CpGs de genes candidatos regulados pela inativação do cromossomo X em bovinos.

Priscila de Sousa Ferreira, Álvaro Fabrício Lopes Rios

A inativação do cromossomo X (XIC) é um mecanismo epigenético que ocorre naturalmente em fêmeas de mamíferos placentários e marsupiais, como uma forma de compensação de dose do produtos gênicos do cromossomo X entre os fêmeas (XX) e machos (XY). Padrões de inativação do cromossomo X podem alterar características fenotípicas, uma vez que uma mutação presentes no cromossomo ativo podem prejudicar do desenvolvimento pré e pós natal em mamíferos e, no caso de manipulação *in vitro* afetar a viabilidade de células e/ou embriões manipulados. Animais derivados de técnicas de transferência nuclear apresentam anomalias fenotípicas que podem ser derivadas de falhas epigenéticas, como por exemplo de falhas no processo de inativação normal do cromossomo X. Apesar de evidências sobre o papel da inativação do cromossomo X no desenvolvimento de animais nascidos de transferência nuclear, pouco estudos tem se aprofundado na investigação desse processo em clones bovinos. Para dar suporte ao desenvolvimento de novos protocolos laboratoriais de análise do padrão de inativação do cromossomo X bovino, foram selecionados SNPs em ilhas CpGs (CGIs) localizadas +200 a -2Kb dos promotores de 20 genes presentes no cromossomo X bovino, cujos homólogos humanos são silenciados por XIC. Os dados de cada SNP foram recuperados do genoma de referência de bovinos (Baylor Btau_4.6.1/bosTau7 - UCSC genome browser). A posição dos SNPs foi caracterizada quanto a sobreposição com seqüências repetitivas, sobreposição ou proximidade a sítios de ligação para fatores de transcrição, sobreposição com seqüências evolucionariamente conservadas e regiões de transcrição intergênica. Foram encontrados 43 SNPs sobrepostos a CGIs em 14 dos 20 genes analisados. A distribuição dos SNPs varia de 1 a 7 por ilha por CGI. Os resultados do estudo serão utilizado estabelecer um ensaio de PCR SNaPshot para análise do padrão de inativação do cromossomo X bovino gerados ou não por transferência nuclear.

Palavras-chave: Inativação do cromossomo X, bovinos, SNP .

Instituição de fomento: CNPq, FAPERJ, UENF.