

Projeto

Michel Farah

13 de agosto de 2011

1 Introdução e Justificativa

Os projetos de sequenciamento e geração de informações genômicas de alta qualidade estão cada vez mais sendo utilizados no melhoramento genético animal, a quantidade de nucleotídeos de polimorfismos simples (SNPs) identificados crescem rapidamente, por exemplo, Wong et al. (2004) relataram 2,8 milhões de SNPs no genoma de frangos, HAYES et al. (2004) - **perdi a referência** encontraram 2507 SNPs em salmões, em bovinos, já estão disponíveis painéis com mais de 777000 SNPs (Illumina Inc., San Diego, CA)- **Colocar a ref. no DB.**

Tradicionalmente, estudo para seleção de características de interesse são realizadas com base no fenótipo dos indivíduos e na informação do parentesco entre os animais. Esta seleção é eficiente, porém o processo é lento, principalmente para características que são medidas em apenas um sexo, como produção de leite, ou características medidas após o abate dos animais, como a qualidade da carne, ou ainda medidas mensuradas no final da vida do indivíduo, por exemplo, longevidade. Assim, para realizar programas de melhoramento para estas características, pesquisadores buscam identificar os genes para elas e a seleção de animais que carregam os alelos desejáveis (MEUWISSEN; GODDARD, 1996; Kang et al., 2010) (Goddard & Hayes, 2009) - - **Colocar a ref. no DB.**

Com estas informações genômicas, permite, também, aos pesquisadores aumentar a precisão da avaliação genética dos animais, e segundo (Meuwissen; Hayes; Goddard, 2001), esta seleção genômica aumenta a taxa de melhora-

mento genético e reduz o custo do teste de progênie, permitindo aos criadores pré-selecionar animais que tenham herdado segmentos cromossômicos de maior mérito.

Referências

Kang, H. M. et al. Variance component model to account for sample structure in genome-wide association studies. *Nature Genetics*, v. 42, n. 4, p. 348–356, Março 2010.

MEUWISSEN, T. H. E.; GODDARD, M. E. The use of marker haplotypes in animal breeding schemes. *Genetics Selection Evolution*, v. 28, p. 161–176, 1996.

Meuwissen, T. H. E.; Hayes, B. J.; Goddard, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, v. 157, p. 1819–1829, Abril 2001.

WONG, G. K. S. et al. A genetic variation map for chicken with 2.8 million single-nucleotide polymorphisms. *Nature*, v. 432, p. 717–722, dezembro 2004.