

GENÔMICA PARA PROSPECÇÃO DE GENES ASSOCIADOS COM CARACTERÍSTICA DE UMBIGO EM BOVINOS CANCHIM

ROMERO, Andrea Renata da Silva¹ (andrearomero@ufgd.edu.br); NASCIMENTO, André Vieira² (andrevn16@gmail.com); SANTIAGO, Gustavo Garcia³ (gustavo_garciasantiago@hotmail.com); SIQUEIRA, Fabiane⁴ (fabiane.siqueira@embrapa.br); REGITANO, Luciana Correia de Almeida⁵; GRISOLIA, Alexeia Barufatti⁵ (AlexeiaGrisolia@ufgd.edu.br).

¹ Mestranda da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, UFGD – Dourados.

² Doutorando da Universidade Estadual Paulista, UNESP - Jaboticabal.

³ Doutorando da Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, UFMS – Campo Grande.

⁴ Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte – Campo Grande.

⁵ Pesquisadora da Embrapa Agropecuária Sudeste – São Carlos.

⁶ Professora Doutora da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, UFGD - Dourados.

Umbigos proeminentes para bovinos criados a pasto podem acarretar em patologias, cujo tratamento é dispendioso ao produtor. Sendo assim, técnicas de melhoramento são aplicadas visando perpetuar fenótipos de relevância, favorecendo inclusive o manejo sanitário dos animais. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi realizar o estudo de associação genômica ampla (GWAS) entre marcadores do tipo polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) com fenótipo de umbigo em bovino de corte da raça Canchim. O grupo amostral foi constituído por 1120 touros Canchim, dentre estes, 444 animais genotipados em painel BovineHD BeadChip (HD, >777.000 marcadores), 500 em painel BeadChip BovineSNP50 (50k, >50.000 marcadores), e 176 animais em High Density GeneSeek Genomic Profiler (GGP-HD, >150000 marcadores). Animais genotipados nos painéis GGP-HD e 50k tiveram genótipos imputados para o painel mais denso (HD) com o programa FImpute. Posteriormente, foi realizada análise de componentes principais (PCA), para verificar a relação genética entre os indivíduos genotipados nos diferentes painéis. Para a exclusão de marcadores e amostras com possíveis vieses, realizou-se o controle de qualidade (QC) antes e depois do procedimento de imputação. O GWAS foi realizado pelo método *Single-marker* pelo programa GCTA, assumindo o limiar de Bonferroni (0,05/número de marcadores testados), utilizando modelo linear misto. Para os SNP que apresentaram significância, foram submetidos ao enriquecimento funcional usando *DAVID Bioinformatics Resources 6.7* e *String v10*. Após o controle de qualidade permaneceram 1104 amostras e 680.082 marcadores, no QC realizado após o procedimento de imputação, não foram descartados marcadores ou amostras. O PCA demonstrou a presença de relação genotípica entre os grupos, o que favorece o processo de imputação. Por meio do GWAS, foi identificada uma região no cromossomo 5 em associação com umbigo, detectando 7 genes candidatos, sendo eles: LLPH, IRAK3, HELB, FAUG, RIP1, MSRB3 e HMGA2. Para o fenótipo estudado, 36 loci de caracteres quantitativos foram apontados pelo GWAS. Em conclusão, o presente estudo pode contribuir para a compreensão das vias metabólicas envolvidas com a expressão da característica de umbigo, podendo assim, auxiliar a seleção de animais com genótipos superiores.

Palavras-chave: GWAS. SNP. Gado de Corte.

Agradecimentos: À UFGD, CAPES, FUNDECT e Embrapa-Gado de corte.