

Associação entre variantes da região *upstream* do gene *CTGF* e medidas fenotípicas de eficiência alimentar em bovinos Nelore

Karina S. de Oliveira¹; Tainã F. Cardoso²; Jennifer J. Bruscadin³; Luciana C. de A. Regitano⁴

¹Aluna de graduação em Biotecnologia, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP. Bolsista PIBIC/CNPq, Embrapa Instrumentação, São Carlos, SP; karina.santos.oliveira11@gmail.com.

²Pós-Doutoranda da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP. Bolsista FAPESP

³Aluna de Doutorado em Genética Evolutiva e Biologia Molecular, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP. Bolsista CAPES

⁴Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP. Bolsista PQ CNPq

A eficiência alimentar bovina é uma característica de produção de suma importância para o agronegócio, agroindústria e meio ambiente, porém por possuir mensuração onerosa e tardia é de difícil integração a programas de melhoramento animal. Análises genômicas podem acrescentar informações para a identificação de potenciais biomarcadores, com a finalidade de auxiliar os programas de melhoramento, na seleção de bovinos Nelore mais eficientes quanto ao aproveitamento do alimento consumido. A partir dessas ferramentas, estudos prévios identificaram a expressão diferencial do gene *connective tissue growth factor (CTGF)* entre animais com fenótipos divergentes para eficiência alimentar, observando maiores níveis de expressão em animais ineficientes. Diante disso, nosso objetivo foi selecionar polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) em sítios de ligação de fatores de transcrição (SLFTs) associados com medidas fenotípicas de eficiência alimentar. Os SNPs foram caracterizados *in silico* a partir da genotipagem de 398 novilhos Nelore, em *Illumina BovineHD BeadChip (770K)*, acrescidos de SNPs imputados a partir de dados de sequenciamento de 20 touros, progenitores da população em estudo. Os SNPs a serem analisados foram selecionados a partir de uma janela de 2 Kb, *upstream* ao sítio de início da transcrição, até a região 3' UTR do gene *CTGF*. A anotação funcional dos SNPs selecionados foi realizada por meio do *software* VEP, as análises de desequilíbrio de ligação (DL) foram executadas com o *software* PLINK e a predição *in silico* dos SLFTs foi feita utilizando o *software* LASAGNA. A associação entre os SNPs selecionados e as medidas fenotípicas de eficiência alimentar, ganho de peso diário (GPD), consumo de massa seca (CMS), eficiência alimentar (EA), conversão alimentar (CA) e consumo alimentar residual (CAR) foi efetuada por meio de um modelo de regressão linear com o uso do *software* R *Studio*. Os resultados indicaram dois SNPs na região *upstream* ao gene *CTGF*, em completo DL ($r^2 = 1$), como candidatos moduladores da EA, sendo que o alelo alternativo de um dos SNPs possivelmente cria um sítio com afinidade para a ligação do fator de transcrição *Gfi1*. Nas análises de associação, ambos os SNPs apresentaram associação significativa com a medida fenotípica EA. Dessa forma, o SNP localizado na região *upstream* ao gene *CTGF* e associado ao fenótipo de EA, é candidato para afetar a expressão desse gene, pois a sua forma alternativa foi predita ter potencial em criar o sítio de ligação do fator de transcrição *Gfi1*, conhecido inibidor da transcrição de *CTGF*. Esse SNP constitui um provável biomarcador para auxiliar em programas de melhoramento e seleção beneficiando o fenótipo de EA de bovinos de corte da raça Nelore.

Apoio financeiro: PIBIC/CNPq (Processo nº: 02.14.00.001.00.00); Universal CNPq (Processo no: 428153/2018-6); PQ CNPq (Processo no: 303754/2016-8)

Área: Ciências Agrárias

Palavras-chave: *Bos indicus*, SNP, Expressão gênica, Sítio de ligação de fator de transcrição, Fenótipo.