

# Análise de haplótipos em QTL associado ao conteúdo de ferro no músculo de bovinos Nelore

**Wellison Jarles da Silva Diniz<sup>1</sup>**  
**Polyana Cristine Tizioto<sup>2</sup>**  
**Fabiana Barichello Mokry<sup>2</sup>**  
**Maurício de Alvarenga Mudadu<sup>3</sup>**  
**Marcela Maria de Souza<sup>4</sup>**  
**Luciana Correia de Almeida Regitano<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Mestrando em Genética evolutiva e biologia molecular, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP, wjarles09@gmail.com;

<sup>2</sup>Pós-doutoranda, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP;

<sup>3</sup>Pesquisador, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP; Pesquisadora CNPq

<sup>4</sup>Doutoranda, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP;

Os minerais são necessários à manutenção da homeostase celular uma vez que participam de diversos processos metabólicos. Dentre os minerais, o ferro (Fe) está envolvido no transporte de oxigênio, produção de energia e desbalanços em sua homeostase têm sido associados a doenças metabólicas. Um estudo anterior com animais Nelore identificou um QTL (Locus de característica quantitativa) de maior efeito localizado no BTA 12 a 72 Mb, o qual explicou 6,53% da variância aditiva para conteúdo de Fe no músculo. Visando reduzir o intervalo de 1-Mb desta região do QTL encontrada e identificar potenciais genes candidatos de efeitos maiores para variação do conteúdo de Fe foram construídas combinações haplotípicas a partir dos genótipos provindos do *Illumina BovineHD BeadChip*, as quais foram utilizadas para realizar um estudo de associação. Para tal, foram utilizados 374 animais descendentes de 34 touros Nelore, registrados, que representam a variabilidade genética da raça. Amostras do *Longissimus dorsi* foram coletadas quando do abate desses animais e o conteúdo de Fe foi determinado pela digestão de 100g da amostra e quantificação por espectrometria de massa e de emissão óptica com plasma de argônio indutivamente acoplado. Os animais foram genotipados com o *Illumina BovineHD BeadChip* (Illumina, Inc., San Diego, CA). A região de 1-Mb do QTL foi estendida 500 Kb *upstream* e *downstream* do QTL. As fases de ligação foram inferidas pelo *software* Beagle 3.3.2. e os blocos haplotípicos foram construídos utilizando o *software* Haploview. Para análise de associação foram utilizados valores genéticos genômicos estimados a partir de análises bayesianas (BayesB) de associação genômica ampla realizadas anteriormente. O modelo do estudo de associação genômica ampla incluiu os efeitos fixos de grupo contemporâneo, formado utilizando os dados de locais de nascimento e de confinamento, estação de monta e grupo de abate, e a idade do animal no momento do abate foi incluída como covariável. As análises de associação entre os valores genéticos genômicos e conteúdo de Ferro no músculo *L. dorsi* foram realizadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) utilizando o programa SAS. Foram identificados 73 SNPs na região analisada, dos quais apenas 29 apresentaram desequilíbrio de ligação suficiente para formarem blocos haplotípicos. O tamanho dos 15 blocos formados variou de 2,7 a 26,7 Kb, e o número de SNPs por bloco variou de dois a oito. Dentre os 15 blocos haplotípicos construídos apenas seis foram associados à característica alvo ( $p < 0,05$ ). A região compreendida pelos haplótipos associados abriga genes da família ABC (*ATP-binding cassette family*), tal como o ABCC4. Proteínas dessa família estão relacionadas ao transporte de íons metálicos através da membrana celular e participam de rotas de sinalização do metabolismo de xenobióticos. Estudos posteriores deverão ser realizados para entender o papel dos genes da família ABC na arquitetura genética subjacente ao conteúdo de ferro.

**Palavras-chave:** ABC, *Bos indicus*, blocos de haplótipos, minerais

**Apoio financeiro:** Fapesp (Nº 12/23638-8); Capes.

**Área:** Genética e Melhoramento Animal