



IV Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

Recursos genéticos no Brasil:
a base para o desenvolvimento sustentável

Centro de Convenções
Expo Unimed | Curitiba-PR

08 a 11
de novembro de 2016



DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE UM PAINEL DE BAIXA DENSIDADE DE MARCADORES SNP RELACIONADO A PROLIFICIDADE EM OVINOS

Samuel R. Paiva^{1*}; Thaísa S. Lacerda², Michel Yamagishi³, Danielle A. Faria⁴;
Concepta McManus², Alexandre Caetano⁵, Harvey Blackburn⁴

¹Embrapa LABEX-EUA, Embrapa Secretaria de Relações Internacionais; ²Universidade de Brasília; ³Embrapa Informática Agropecuária; ⁴USDA-ARS-National Lab for Genetic Resources Preservation.; ⁵Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; *samuel.paiva@embrapa.br

Painéis de alta densidade de marcadores SNPs vem sendo utilizados para estudos de diversidade genética utilizando raças comerciais e localmente adaptadas de ovinos em todo o mundo. Para viabilizar a avaliação de grande número de amostras presentes em bancos de germoplasma, painéis com um número menor de marcadores, e portanto, menor custo tem sido considerados como uma alternativa viável. O objetivo deste trabalho foi identificar e validar um painel de baixa densidade contendo marcadores conhecidos associados a prolificidade na espécie ovina. A seleção dos marcadores foi realizada utilizando tanto polimorfismos já relatados na literatura nos principais genes que afetam a prolificidade ovina (*GDF9*, *BMP15* e *BMPR1B*) bem como marcadores identificados em sequencias completas dos mesmos genes geradas pelo Consórcio Internacional do Genoma Ovino. Após mineração e controle de qualidade, 43 SNPs foram selecionados para desenvolvimento do ensaio e genotipagem de 188 amostras de 15 diferentes raças depositadas no Banco genético Animal Americano. Foram observados 32 SNPs monomórficos, 10 SNPs polimórficos e apenas uma falha no ensaio montado. Cinco dos 10 SNPs polimórficos causam mudanças de aminoácido nos genes estudados e 29 haplótipos foram estimados no total. Teste de associação utilizando 5 diferentes raças (N=124) com dados de número de borregos nascidos por parto e os haplótipos foi realizado. Apenas uma associação significativa foi identificada na raça Rambouillet ($p < 0.05$). Esse haplótipo contém uma deleção em homozigose no exon gene *BMP15*, causando a deleção do aminoácido Leucina. Apesar da raça St. Croix possuir a mesma deleção e outros polimorfismos específicos no gene *BMPR1B*, não foi detectada associação significativa nessa raça com os dados de prolificidade. Este resultado, bem como outros, sugerem a existência de algum mecanismo de interação entre alelos dentro e entre genes. O painel desenvolvido identificou eficientemente polimorfismos associados à prolificidade ovina, tornando-se uma ferramenta eficaz para genotipagem de ovinos das mais diversas raças mundialmente. Novos polimorfismos, relacionados a outras características de interesse econômico, estão sendo adicionados a este painel de forma que o mesmo seja uma ferramenta útil e com baixo custo para agregar valor ao germoplasma conservado em bancos de germoplasma.

Palavras-chave: recursos genéticos animais, ovis aries, banco genético

Agradecimentos: Embrapa, USDA-ARS, UnB, CNPq