



# 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<sup>1\*</sup>; Thaísa S. Lacerda<sup>2</sup>, Michel Yamagishi<sup>3</sup>, Danielle A. Faria<sup>4</sup>;  
Concepta McManus<sup>2</sup>, Alexandre Caetano<sup>5</sup>, Harvey Blackburn<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Embrapa LABEX-EUA, Embrapa Secretaria de Relações Internacionais; <sup>2</sup>Universidade de Brasília; <sup>3</sup>Embrapa Informática Agropecuária; <sup>4</sup>USDA-ARS-National Lab for Genetic Resources Preservation.; <sup>5</sup>Embrapa 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 *BMP1B*) bem como marcadores identificados em sequências 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 *BMP1B*, 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