

Análise funcional de genes associados com espessura de gordura subcutânea em bovinos Canchim

Primeiro autor: Isadora Inácio Sousa

Demais autores: Sousa, I. I.^{1}; Siqueira, F.²;*

Ferreira, A. B. R.³; Santiago, G. G.⁴; Torres Junior, R. A. A.²; Souza Junior, M. D.⁵; Faria, F. J. C.⁶

Resumo

Sabe-se que o peso, o rendimento de carcaça e o grau de acabamento exercem importante papel no valor comercial da carcaça bovina e que a expressão destas características depende da interação de fatores, como a composição genética do indivíduo e efeitos ambientais. Desta forma, o melhoramento genético constitui fundamental ferramenta para identificar genes e compreender suas funções sobre tais características. Objetivou-se analisar a funcionalidade e as vias metabólicas relacionadas aos genes associados com espessura de gordura subcutânea (EGS) em animais participantes de Provas Canchim de Avaliação e Desempenho. As regiões genômicas foram identificadas por GWAS (*Genome-wide Association Study*) no Laboratório de Genômica e Melhoramento Animal (Embrapa Gado de Corte) e o mapeamento dos genes foi realizado pela plataforma Ensembl. Os genes foram avaliados, por meio da ferramenta DAVID v.6.8, para suas funcionalidades nas categorias componente celular, processo biológico e função molecular. A identificação das vias metabólicas foi realizada pelo

(1) Mestranda da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS, isadorainacio@hotmail.com. (2) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Analista da Embrapa Gado de Corte. (4) Doutorando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS. (5) Técnico da Associação Brasileira de Criadores da Raça Canchim – ABCCAN. (6) Professor da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS. * Autor correspondente.

banco de dados KEGG. Foram encontradas duas regiões genômicas associadas com EGS, sendo uma no cromossomo 9, contendo nove genes, e uma no cromossomo 14, contendo um gene. Dois genes não obtiveram anotações, desta forma os genes analisados foram: SOD2 (*Superoxide Dismutase*), WTAP (*Wilms Tumor 1 Associated Protein*), ACAT2 (*Acetyl-CoA Acetyltransferase 2*), MRPL18 (*Mitochondrial Ribosomal Protein L18*), PNLDC1 (*Ribonuclease Domain Containing 1*), MAS1 (*MAS1 Proto-oncogene*), SLC22A1 (*Solute Carrier Family 22 Member 1*) e SLC22A3 (*Solute Carrier Family 22 Member 3*). Foram observadas 16 anotações de componente celular, 28 de processos biológicos e 18 de função molecular. Foram encontradas 23 diferentes vias metabólicas relacionadas com seis genes. Neste contexto, é fundamental obter conhecimentos sobre as funções dos genes, já que a maioria destes exercem papéis distintos no organismo. Isto viabiliza estudos de prospecção gênica para identificar mutações associadas às características de interesse econômico, contribuindo assim para programas de melhoramento da raça Canchim.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Geneplus e ABCCAN.