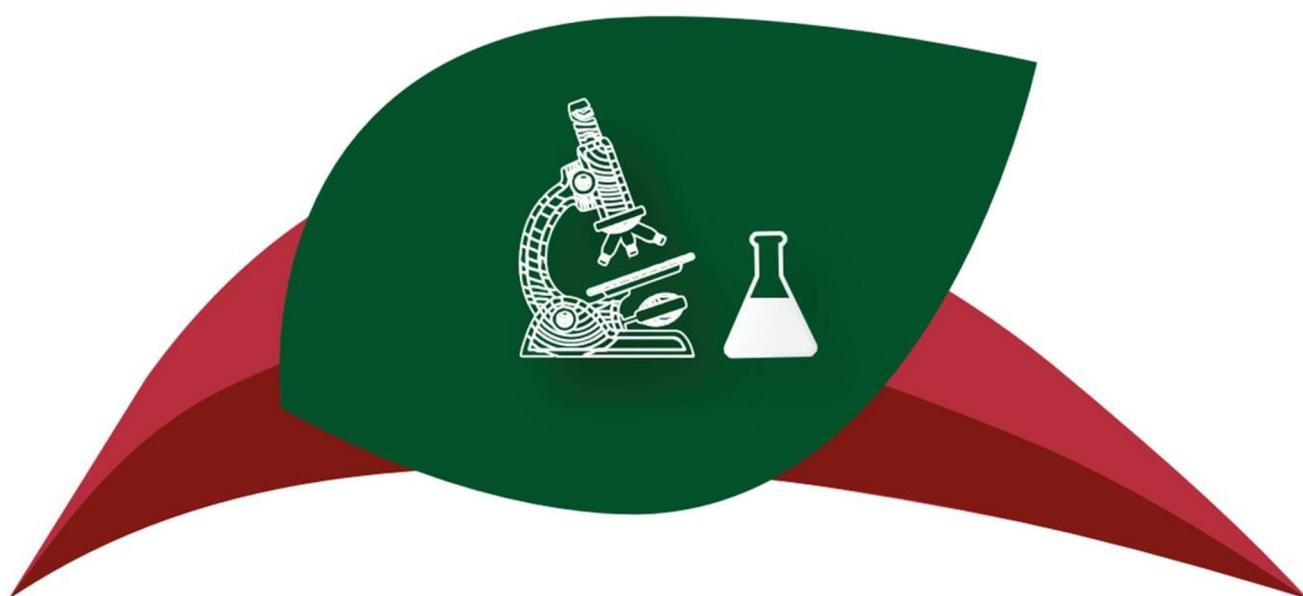


Documentos

68

**Anais da 10ª Jornada Científica
Embrapa São Carlos**



10ª Jornada Científica

Embrapa - São Carlos/SP

ISSN 1518-7179

Junho, 2018

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Instrumentação
Embrapa Pecuária Sudeste
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Documentos 68

**Anais da 10ª Jornada Científica
Embrapa São Carlos**

Editores Técnicos

Daniel Souza Corrêa

Elaine Cristina Paris

Maria Alice Martins

Paulino Ribeiro Villas Boas

Wilson Tadeu Lopes da Silva

Embrapa Instrumentação
São Carlos, SP
2018

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Instrumentação
Rua XV de Novembro, 1452
Caixa Postal 741
CEP 13560-970 São Carlos, SP
Fone: (16) 2107 2800
Fax: (16) 2107 2902
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Unidade responsável pelo conteúdo e edição

Embrapa Instrumentação

Comitê de Publicações
Presidente
Wilson Tadeu Lopes da Silva
Secretária-executiva
Maria do Socorro Gonçalves de Souza Monzane
Membros
Carlos Renato Marmo
Cíntia Cabral da Costa
Cristiane Sanchez Farinas
Elaine Cristina Paris
Maria Alice Martins
Paulo Renato Orlandi Lasso
Normalização bibliográfica
Maria do Socorro Gonçalves de Souza Monzane
Imagem da capa
Thiago Benite
Capa, editoração eletrônica e
tratamento das ilustrações
Valentim Monzane

1ª edição

1ª impressão (2018): 100 exemplares

Todos os direitos reservados

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte,
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados internacionais de Catalogação na publicação (CIP)

Embrapa Instrumentação

J82a Jornada científica Embrapa – São Carlos, SP.
Anais / editores técnicos, Daniel Souza Corrêa, Elaine Cristina Paris, Maria Alice Martins,
Paulino Ribeiro Villas Boas, Wilson Tadeu Lopes da Silva. -- São Carlos: Embrapa
Instrumentação: Embrapa Pecuária Sudeste, 2018.
90 p.; 21x29cm – (Embrapa Instrumentação. Documentos, ISSN 1518-7179; 68).

1. Jornada científica – Evento. I. Corrêa, Daniel Souza. II. Paris, Elaine Cristina. III. Martins,
Maria Alice. IV. Villas Boas, Paulino Ribeiro. V. Silva, Wilson Tadeu Lopes. VI. Título. VII. Série.

CDD 21 ED 500

© Embrapa 2018

Identificação de possíveis causas de expressão alelo-específica em músculo de novilhos da raça Nelore

Alícia Lie de Melo¹; Marcela Maria de Souza²; Luciana Correia de Almeida Regitano³

¹Aluna de graduação em Engenharia Agrônômica, Universidade Federal do Vale do São Francisco, Petrolina, PE; aliemelo94@gmail.com.

²Bolsista de pós-doutorado FAPESP/ Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

³Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Bolsista de Produtividade CNPq.

A qualidade da carne é determinada pela cor da carne, cor da gordura, textura, marmoreio e maciez, sendo esta última o atributo mais valorizado pelos consumidores. A análise dessas características só pode ser feita após o abate do animal, o que dificulta e encarece o processo de avaliação da influência dos fatores ambientais e genéticos na qualidade da carne. De forma a facilitar o melhoramento genético desses animais, recomenda-se o uso de marcadores genéticos. Uma importante fonte de variação fenotípica é a expressão alelo-específica (EAE), e o entendimento de como esse evento é regulado pode contribuir para predição dos efeitos de polimorfismos em programas de melhoramento genético. A partir de estudos prévios de EAE em músculo bovino, foram selecionados três genes (*NEB*, *MYL1* e *CLIC5*) para estudo. Foi avaliado, *in silico*, se os SNPs encontrados nas regiões flangeadoras desses genes estavam localizados em sítios alvo de fatores de transcrição (FT), utilizando-se o programa sTRAP, seguido de verificação da ocorrência dos FTs preditos na lista de FTs específicos de bovinos. A região delimitada para essa análise foi de 8.000 pb *upstream* e 2.000 pb *downstream* do início do gene. Para avaliar se os SNPs estavam em regiões alvo de miRNAs, foram utilizados os programas TargetScan e STarMir. Dos sete, 11 e 34 SNPs encontrados, respectivamente, para os genes *NEB*, *MYL1* e *CLIC5* na região delimitada para a busca de sítios alvo de FT, apenas um, seis e 16, respectivamente, passaram pelo critério de estar na lista de FT bovinos e expresso em músculo. Para o gene *NEB*, observa-se que a presença do alelo alternativo de um SNP faz com que o gene ganhe um sítio de ligação para o FT SRF, mas perca dois sítios de ligação com *HLF* e *NFIL3*. Para *MYL1*, em geral, os FTs tiveram mais afinidade com o alelo alternativo (71,43%) do que com o alelo referência (28,57%), o que também se verifica para *CLIC5* (40,91% dos FT com afinidade para o alelo referência, e 59,09% de afinidade com o alelo alternativo). Os genes em estudo são alvos de 206, 156 e 2725 miRNAs para *NEB*, *MYL1* e *CLIC5*, respectivamente, baseado na previsão do STarMir. No entanto, nenhum SNP estava presente em região predita de ligação com miRNA nas duas abordagens adotadas (TargetScan e STarMir) para os genes *NEB* e *MYL1*. Para *CLIC5*, 736 miRNA previstos pelo STarMir possuem ao menos um SNP na região predita de ligação com miRNA. Assim, mudanças nos sítios de ligação de FT e miRNA podem estar relacionadas com a expressão diferencial dos alelos, sendo interessante associar esses dados com as características fenotípicas.

Apoio financeiro: Fapesp Processo 2012/23638-8, CNPq Processo 449172/2014-7

Área: Ciências Biológicas

Palavras-chave: maciez de carne, fatores de transcrição, miRNA