

Seleção de genes candidatos associados à características de produção em bovinos da raça Canchim

Primeiro autor: Isadora Inácio Sousa

Demais autores: Sousa, I. I.¹; Siqueira, F.²; Santiago, G. G.¹; Romero, A. R.³; Torres Junior, R. A. A.²; Feijó, G. L. D.²; Souza Junior, M. D.⁴; Ferraz, A. L. J.⁵; Grisolia, A. B.⁶; Faria, F. J. C.⁷

Resumo

Sabe-se que a qualidade de um produto é o fator fundamental para que o mesmo possa ser inserido no mercado e o setor brasileiro de carne bovina tem se preocupado não só com o aumento da produção, mas também com a qualidade da carne produzida. Desta forma, produtores buscam obter a melhoria de características como a quantidade de gordura subcutânea e entremeada, ganho de peso, além da pelagem e da circunferência escrotal. Logo, objetivou-se realizar a seleção de genes candidatos via análise funcional de genes obtidos em regiões genômicas identificadas por estudos de associação ampla do genoma (GWAS) em animais da raça Canchim. Foram prospectadas pelo banco de dados *Ensembl* 36 regiões genômicas associadas com espessura de gordura subcutânea (EGS), marmoreio (MARM), área de olho de lombo (AOL), peso ao sobreano (PESO), pelagem (PELO) e circunferência escrotal (CE). Os 220 genes prospectados foram submetidos à anotação funcional pela ferramenta *Database for Annotation, Visualization, and Integrated Discovery* (DAVID) para verificar suas funcionalidades

(1) Doutorandos da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS, isadorainacio@hotmail.com. (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Doutoranda da Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho - Unesp. (4) Técnico da Associação Brasileira de Criadores de Canchim - ABCCAN. (5) Professor da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - UEMS. (6) Professora da Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD. (7) Professor da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS. *Autor correspondente.

nas categorias processo biológico, componente celular, função molecular e vias metabólicas, sendo as vias verificadas pelo banco de dados *Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes* (KEGG). Os genes foram selecionados pela filtragem de termos ontológicos relacionados com tecido adiposo, tecido muscular, desenvolvimento e proliferação celular, pelagem e bolsa escrotal, sendo estes obtidos pelos bancos de dados QuickGO e *Integrative Visual Analysis Tool for Biological Networks and Pathways* (VisANT). A descrição prévia dos genes na literatura também foi adotada como critério de seleção. Foram selecionados 29 genes considerados como potenciais candidatos para as características avaliadas, sendo dois genes para EGS, três para MARM, 15 para AOL, seis para PESO, um para PELO e cinco para CE. Os resultados obtidos viabilizam estudos de identificação de mutações associadas às características de interesse econômico, contribuindo, assim, para programas de melhoramento da raça Canchim.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Fundapam e CAPES.