

Estudo de associação ampla do genoma (GWAS) para prolificidade em caprinos

Monteiro, Nara Veiga^{1*}; Nascimento, Maria Clara de Oliveira²; Facó, Olivardo³; Silva, Kleibe de Moraes⁴

Atualmente, os marcadores resultantes do polimorfismo de um único nucleotídeo (Single Nucleotide Polymorphisms - SNPs) são os mais utilizados nos estudos de associação devido a sua ampla distribuição pelo genoma e a possibilidade de estarem em desequilíbrio de ligação com a região onde podem existir um ou mais genes (Quantitative Trait Loci – QTL) responsáveis pela expressão da característica em estudo. Os Estudos de Associação Ampla do Genoma (GWAS) oferecem a possibilidade de identificação de regiões associadas com características de interesse econômico a partir de análises combinando informações genotípicas e fenotípicas. O objetivo deste trabalho foi identificar regiões do genoma que possam estar influenciando a prolificidade em caprinos. Foram utilizados para a coleta de material genético 144 caprinos, sendo 29 animais da raça Anglo-Nubiana, 35 da raça Canindé, 48 da raça Moxotó e 32 da raça Saanen. As informações reprodutivas estavam armazenadas no Sistema de Gerenciamento de Rebanhos (SGR) do Programa de Melhoramento de Caprinos e Ovinos de Corte (GENECOC®) da Embrapa Caprinos e Ovinos. Foram utilizados 4 mL de sangue coletados por meio de punção venal da jugular em tubo Vacutainer contendo EDTA e, em seguida, foi realizado o processamento, a separação e o armazenamento dos leucócitos em tubos de 1,5 mL sob temperatura -20 °C. A extração do DNA foi por meio de kit DNeasy Blood & Tissue (Qiagen) seguindo o protocolo do fabricante. As amostras foram enviadas para um laboratório especializado para a genotipagem utilizando o Illumina Goat 50K Beadchip. Foram utilizados um total de 53.347 SNPs e após o controle de qualidade restaram 52.975 SNPs. As análises de associação entre os genótipos dos marcadores com a prolificidade das cabras foram realizadas pelo método de “single step” (ssGBLUP) utilizando os softwares da família BLUPf90. O valor de significância (nominal $p < 2.11 \times 10^{-7} = 0.01$) foi determinado aplicando a correção de Bonferroni. Devido à dificuldade em se observar animais com histórico reprodutivo com baixa prolificidade não foi encontrado nenhuma região associada para a característica de prolificidade após a análise de GWAS. Neste estudo todas as raças estudadas se mostraram prolíficas, com média de 1,66 crias/parto/

fêmea. Os valores médios de $-\log_{10}(p)$ para todos os 29 autossomos na população em estudo ficaram abaixo do nível de significância ($-\log(p) < 0,01 = 6,7$), indicando que não foi observado região associada a característica prolificidade.

Palavras-Chave: Marcadores, GWAS, prolificidade

Suporte financeiro: CNPq e Embrapa

¹Aluna do curso de Graduação em Zootecnia da Universidade Vale do Acaraú – UVA, Bolsista PIBIC/CNPq/Embrapa

²Aluna do curso de Graduação em Zootecnia da Universidade Vale do Acaraú – UVA, Bolsista BICT/FUNCAP/Embrapa

³Pesquisador da Embrapa Caprinos e Ovinos

⁴Pesquisador da Embrapa Caprinos e Ovinos, Orientador

*Apresentador do pôster: navirme@hotmail.com