

# Seleção de genes candidatos relacionados à resistência bovina ao carrapato por meio de genômica funcional

*Primeiro autor: Isadora Inácio Sousa*

*Demais autores: Sousa, I. I.<sup>1</sup>; Siqueira, F.<sup>2</sup>; Santos, L. R.<sup>2</sup>; Blecha, I. M. Z.<sup>3</sup>; Andreotti, R.<sup>2</sup>; Ferraz, A. L. J.<sup>4</sup>; Faria, F. J. C.<sup>5</sup>*

## Resumo

O carrapato bovino *Rhipicephalus microplus* é apontado como um dos principais responsáveis por perdas econômicas nos sistemas de produção dos países tropicais e subtropicais. Diante deste problema, diversas ferramentas moleculares podem ser utilizadas com o intuito de elucidar os mecanismos genéticos e imunológicos que atuam para combater este ectoparasita. Assim, objetiva-se selecionar genes candidatos relacionados com a resistência bovina ao carrapato por meio de análise funcional. Os genes serão selecionados pela comparação de resultados obtidos em um estudo de sequenciamento de RNA em larga escala (RNA-Seq) realizado previamente na Embrapa Gado de Corte em animais Angus, Nelore e ½ Angus X ½ Nelore com os resultados de um estudo de associação genômica ampla (*Genome-Wide Association Study* - GWAS) em animais das raças Hereford e Braford. Nos dados de RNA-Seq será analisada a relação de genes que apresentaram alta ou baixa expressão no fenótipo de interesse nos diferentes grupos genéticos. E nos dados de GWAS, serão mapeadas as regiões genômicas associadas com o fenótipo de resistência ao carrapato que foram identificadas por genotipagem

---

(1) Doutoranda da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS, isadorainacio@hotmail.com. (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Doutora em Ciência Animal pela Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS. (4) Professor da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - UEMS. (5) Professor da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS.

\*Autor correspondente.

de DNA em painéis de marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*). Os genes provenientes dos dados de RNA-Seq e GWAS serão comparados de acordo com o seu envolvimento em processos de resposta imune. Espera-se que com as análises de genômica funcional seja possível encontrar genes diferencialmente expressos que também tenham sido identificados nos dados de mapeamento de regiões genômicas, confirmando, assim, a influência destes genes no desenvolvimento desta característica. Posteriormente, alguns genes serão escolhidos para validação dos seus efeitos pela técnica de Reação em Cadeia da Polimerase em Tempo Real (qPCR) e poderão ser sequenciados para prospecção de mutações associadas com este fenótipo. O conhecimento gerado poderá ser usado na seleção de animais mais resistentes ao carrapato do boi, auxiliando, assim, os programas de melhoramento de bovinos de corte.

## **Parceria / Apoio financeiro**

Embrapa Gado de Corte e Capes.