

ISSN 1980-6841
Julho, 2019

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

Documentos 134

Anais da XI Jornada Científica - Embrapa São Carlos

Editores Técnicos

Alexandre Berndt
Ana Rita de Araujo Nogueira
Lea Chapaval Andri
Marcelo Mattos Cavallari
Manuel Antônio Chagas Jacinto

Embrapa Pecuária Sudeste
São Carlos, SP
2019

Embrapa Pecuária Sudeste

Rod. Washington Luiz, km 234

Caixa Postal 339

Fone: (16) 3411-5600

Fax: (16) 3361-5754

www.embrapa.br/pecuaria-sudeste

www.embrapa.br/fale-conosco

Comitê de Publicações da Unidade

Presidente: Alexandre Berndt

Secretária-Executiva: Simone Cristina Méo Niciura

Membros: Ane Lisye F. G. Silvestre, Maria Cristina Campanelli Brito,

Milena Ambrósio Telles, Mara Angélica Pedrochi

Comitê PIBIC - Embrapa Pecuária Sudeste

Alexandre Berndt – Coordenação

Ana Rita de Araujo Nogueira

Lea Chapaval Andri

Juliana Gonçalves Costa

Manuel Antônio Chagas Jacinto

Marcelo Mattos Cavallari

Maria Cristina Campanelli Brito

Silvia Helena Piccirillo Sanchez

Editoração eletrônica: Maria Cristina Campanelli Brito

1ª edição online – 2019

Todos os direitos reservados.

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

Embrapa Pecuária Sudeste

J82xi Jornada Científica Embrapa – São Carlos, SP.

Anais / editores técnicos, Alexandre Berndt, Ana Rita de Araújo Nogueira, Lea Chapaval Andri, Marcelo Mattos Cavallari, Manoel Antônio Chagas Jacinto. - São Carlos: Embrapa Pecuária Sudeste: Embrapa Instrumentação, 2019.

70 p. – (Embrapa Pecuária Sudeste. Documentos, ISSN 1980-6841; 134).

1. Jornada científica – Evento. I. Berndt, Alexandre. II. Nogueira, Ana Rita de Araújo. III. Andri, Lea Chapaval. IV. Cavallari, Marcelo Mattos. V. Jacinto, Manoel Antônio Chagas. VI. Título. VII. Série.

CDD 21 630.72

© Embrapa 2019

Associação entre variantes cis regulatórias do gene *KCNJ11* e características econômicas em bovinos Nelore

Karina S. de Oliveira¹; Andressa O. de Lima²; Juliana Afonso³; Tainã Figueiredo Cardoso⁴;
Jennifer Jessica Bruscadin⁵; Luciana C. de A. Regitano⁶

¹Aluna de graduação em Biotecnologia, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP. Bolsista PIBIC/CNPq, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP; karina.santos.oliveira11@gmail.com;

^{2,3}Aluna de Doutorado em Genética Evolutiva e Biologia Molecular, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP;

⁴Pós-Doutoranda da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP;

⁵Aluna de Mestrado em Genética Evolutiva e Biologia Molecular, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP

⁶Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

Características de produção como eficiência alimentar e de qualidade da carne bovina são de suma importância para o agronegócio, agroindústria e consumidores. Assim, ferramentas biotecnológicas como a genômica podem adicionar informações para identificar potenciais biomarcadores com a finalidade de auxiliar os programas de melhoramento e seleção de bovinos de corte. Deste modo, estudos recentes de mapeamento identificaram o gene *KCNJ11* em uma região de *quantitative trait loci* (QTL) para maciez da carne e sua expressão foi relacionada com maciez da carne e eficiência alimentar. Nosso objetivo foi selecionar polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) em regiões regulatórias associadas com fenótipos de qualidade da carne, concentração de minerais e eficiência alimentar. As variantes foram caracterizadas *in silico* a partir da genotipagem de 800 novilhos Nelore, em *Illumina BovineHD BeadChip* (770K), acrescidos de SNPs imputados em tais genótipos a partir do sequenciamento de 20 touros progenitores de tal população. Uma janela de 1 Mb *upstream* e 2 Kb *downstream* ao início do gene *KCNJ11* foi utilizada na seleção dos SNPs. A associação entre os SNPs selecionados e as características fenotípicas foi realizada por meio do software GEMMA e o software PLINK foi utilizado para as análises de desequilíbrio de ligação (DL) entre todos os SNPs. Para os resultados significativos e os SNPs em DL com os SNPs associados, a anotação funcional foi realizada por meio do software SNPEff. A predição *in silico* dos sítios de ligação de fatores de transcrição (TFBSs) foi realizada utilizando o software LASAGNA, e a identificação de ilhas CpG utilizou a ferramenta Table Browser da plataforma UCSC Genome Browser. Selecionamos 584 SNPs na janela escolhida. Nas análises de associação, 25 SNPs foram associados com ganho de peso diário, 152 com consumo de matéria seca, 58 com eficiência alimentar, 5 com o mineral ferro, 32 com o mineral cálcio, 85 com o mineral potássio, 74 com espessura de gordura subcutânea, 41 SNPs com área de olho de lombo, 107 com força de cisalhamento, e 8 com índice de gordura intramuscular. Posteriormente, foram adotadas regiões flanqueadoras de 25 pb antes e depois de cada SNP para identificar os TFBSs potencialmente afetados pelos SNPs, resultando na potencial geração ou perda do TFBS. Além disso, verificamos SNPs em ilhas CpG. Os SNPs relacionados ao gene *KCNJ11*, associados com características fenotípicas de qualidade da carne, concentração de minerais e eficiência alimentar localizados em regiões regulatórias constituem prováveis biomarcadores para a seleção de características produtivas de interesse econômico.

Apoio financeiro: PIBIC/CNPq (Processo nº: 02.14.00.001.00.00)

Área: Ciências Agrárias

Palavras-chave: *Bos indicus*; SNP; expressão gênica; sítio de ligação de fator de transcrição; Ilha CpG