

## IDENTIFICAÇÃO DE ILHAS DE HOMOZIGOSE EM PORCOS DA RAÇA MOURA E COMERCIAIS

Karine Aparecida Rodrigues de Souza<sup>1\*</sup>; Darilene Ursula Tyska<sup>1</sup>; Alexandra Fabielle Pereira Viana<sup>1</sup>; Rosyara Pedrina Maria Montanha Juliatto<sup>2</sup>; Marson Bruck Warpechowski<sup>2</sup>; Mônica Corrêa Ledur<sup>3</sup>; Kaline Alessandra Lima de Sá<sup>2</sup>; Agne Holowka Ribeiro<sup>2</sup>; Juliana Sperotto Brum<sup>2</sup>; José Braccini Neto<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Rio Grande do Sul. <sup>2</sup>Universidade Federal do Paraná. <sup>3</sup>Embrapa Suínos e Aves. \*Karinerodriguesouza@hotmail.com.

As ilhas de homozigose têm sido usadas para identificar regiões genômicas sob seleção natural ou artificial, que podem estar envolvidas na expressão de características específicas da raça, na adaptação ao ambiente e no sistema de produção. O objetivo deste estudo foi identificar ilhas de homozigose em populações de porcos da raça Moura (raça crioula) contrastando com as raças comerciais Duroc, Landrace, Large White e Pietrain por meio de análises de corridas de homozigose (ROH). O banco de genótipos foi formado por 75 porcos da raça Moura de quatro regiões do Brasil (Sul, Sudeste, Nordeste e Centro-Oeste) e 8 animais de cada uma das raças comerciais (Duroc, Landrace, Large White e Pietrain), genotipados com o Illumina Porcine v2 BeadChip com 61.565 SNPs. Foram incorporados 352 animais das raças: Moura (n=9), Duroc (n=79), Landrace (n=130), Large White (n=76) e Pietrain (n=58), obtidos do repositório digital Dryad contendo 61.772 SNPs, totalizando 459 animais e 61.565 SNPs. Utilizou-se o software PLINK v1.9 para identificação das ROHs onde 1% dos SNPs mais frequentes e suas respectivas regiões genômicas foram denominadas “ilhas de ROH”. Essas regiões foram selecionadas para realizar a prospecção gênica e posteriormente alinhadas com o genoma de referência SSCROFA11.1, usando o BioMart do ENSEMBL (<http://www.ensembl.org/biomart/martview/>). Para identificar as funções moleculares e processos biológicos (PB) relacionados aos genes significativos ( $p < 0,05$ ) foi utilizada a base de dados DAVID (<https://david.ncifcrf.gov/>). Os animais Moura, Duroc e Landrace apresentaram sobreposição em uma região de 7 Mb no cromossomo 7 (SSC7) (54- 61 Mb) onde apenas o gene *SEMA7A* foi identificado nas três raças, sendo associado à resolução de inflamação grave em crianças e camundongos. Os animais Moura e Duroc apresentaram ilhas de ROH sobrepostas em uma região de 4 Mb (87-91 Mb) no SSC2. Nesta região, foram localizados quatro genes: *XRCC4*, *VCAN*, *BHMT* e *BHMT2*, dos quais os três últimos estão associados ao metabolismo lipídico e à organização das fibras musculares. Estes PB estão relacionados com a qualidade da carne, o que justifica a maior quantidade de gordura intramuscular e marmoreio nos produtos dessas raças. Já os animais da raça Pietrain não apresentaram nenhuma ilha de ROH sobreposta com os animais das demais raças. No entanto, apresentaram o maior número de ilhas no SSC8, sugerindo uma fixação de alelos neste cromossomo, provavelmente na formação da raça. Esses resultados revelaram regiões genômicas sob seleção na raça Moura, que abrigam genes potencialmente interessantes para uma seleção direcionada em linhagens comerciais.

**Palavras-chave:** corridas de homozigose; raça crioula; genes.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq, 303263/2021-0) pelo financiamento parcial e bolsas e a EMBRAPA.