

# HOMOZIGOSE DO HAPLÓTIPO ESTENDIDO ENTRE POPULAÇÕES COMO FERRAMENTA DE CARACTERIZAÇÃO EM ASSINATURAS DE SELEÇÃO EM BOVINOS DA RAÇA GIR

**Giovanna Maria dos Santos Câmara<sup>\* 1</sup>; Iasmin Marques Rocha<sup>2</sup>; Ana Beatriz Azevedo de Medeiros<sup>3</sup>; Maria Victória Henrique Genuíno<sup>1</sup>; Ayrton Fernandes de Oliveira Bessa<sup>4</sup>; Roney Teixeira da Silva<sup>5</sup>; Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva<sup>6</sup>; Marcos Eli Buzanskas<sup>7</sup>**

<sup>1</sup>Mestranda em Zootecnia. Areia/PB. Universidade Federal da Paraíba; <sup>2</sup>Zootecnista. Areia/PB. Universidade Federal da Paraíba; <sup>3</sup>Graduanda em Zootecnia. Areia/PB. Universidade Federal da Paraíba; <sup>4</sup>Doutorando em Zootecnia. Areia/PB. Universidade Federal da Paraíba; <sup>5</sup>Mestrando em Zootecnia. Areia/PB. Universidade Federal da Paraíba; <sup>6</sup>Pesquisador. Juiz de Fora/MG. Embrapa Gado de Leite; <sup>7</sup>Docente. Areia/PB. Universidade Federal da Paraíba

## **Resumo:**

As assinaturas de seleção consistem em uma ferramenta capaz de identificar vestígios de seleção artificial, com a finalidade de melhor compreensão dos mecanismos genéticos, os quais relacionam-se às características morfológicas, fisiológicas e produtivas individuais de cada espécie. Com isso, objetivou-se identificar regiões do genoma correspondentes às assinaturas de seleção em bovinos da raça Gir provenientes do Brasil, sendo esta a população alvo, e do continente asiático, utilizadas como população de referência. Foram considerados 48 animais Gir do Brasil e 27 animais Gir da Índia, genotipados com o painel de marcadores BovineHD BeadChip da Illumina. Os dados foram fornecidos pela Embrapa Gado de Leite (Juiz de Fora/MG). Para o controle de qualidade, utilizou-se o programa PLINK v.1.9. onde foram excluídos SNPs e amostras com taxas de leitura inferiores a 95% e SNPs com frequência de alelos raros inferiores a 1%. Para a identificação das assinaturas de seleção foi utilizado o pacote *rehh* presente no programa estatístico R por meio da metodologia XP-EHH (homozigose do haplótipo estendido entre populações). Foi utilizada a abordagem de janelas, considerando-se o tamanho de 50kb, em que cada janela continha a média de XP-EHH para o tamanho definido. Logo, foram selecionadas as 40 janelas de maior média e com sinal positivo (assinaturas de seleção em animais Gir do Brasil). Entre os genes observados nestas regiões, pode-se destacar o gene FCGRT, associado a variação da concentração da imunoglobulina G (IgG) em bezerros neonatos; o gene PRRG2, referente a peso metabólico; o gene AGO3, que atua no crescimento e desenvolvimento de oócitos e folículos ovarianos; o gene SRRM2, relacionado à tuberculose bovina; o gene U6, associado ao peso e gordura da carcaça, como também, características comportamentais. Desta maneira, as assinaturas de seleção identificadas neste estudo demonstram que regiões próximas à fixação devido ao processo de seleção não necessariamente estão relacionadas com características associadas à produção de leite. Dentre as funções dos genes identificados, pode-se destacar que alguns possuem papel importante para a adaptabilidade da raça Gir ao sistema de produção do Brasil.

**Palavras-chave:** bovinocultura de leite; genômica; melhoramento animal

[www.zootec2023.com](http://www.zootec2023.com)

# Zootec

32º Congresso  
Brasileiro de Zootecnia

**ANAIS 2023**

31 de maio a 02 de junho de 2023 | Natal - RN

Promoção



Realização



Apoio

