Variantes genômicas associadas com o número de oócitos e embriões na raça Gir

Genomic variants associated with the number of oocytes and embryos in Gir cattle

Renata de Fátima Bretanha Rocha[1]*; Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva[2]; Marta Fonseca Martins[2]; Marco Antônio Machado[2]; João Claudio do Carmo Panetto[2]; Simone Eliza Facioni Guimarães[1]

[1]Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa;
[2]EMBRAPA – Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Leite;
*E-mail: renata.bretanha@ufv.br

No Brasil, o uso intenso de biotecnologias reprodutivas, como a fertilização in vitro (FIV), tem sido particularmente relevante na produção de animais Gir e Girolando F1, potencializando a combinação de características de adaptação, rusticidade e alta produção de leite. A genômica tem se consolidado como uma ferramenta essencial no estudo de características reprodutivas em gado de leite, permitindo identificar variantes genéticas associadas à fertilidade, produção de oócitos e embriões, e outros atributos diretamente ligados à eficiência reprodutiva. Objetiva-se, com este estudo, aprofundar o entendimento da arquitetura genômica na raça Gir por meio da identificação de variantes nucleotídicas associadas ao número de oócitos e de embriões. Este estudo é uma continuidade de uma pesquisa anterior de associação genômica ampla conduzida na raça Gir, na qual foi identificada, em algumas famílias, uma região no cromossomo 7 (BTA7), entre os nucleotídeos 82.974.837 e 83.997.563, associada ao número total de oócitos, oócitos viáveis e embriões. O arquivo de chamadas de variantes genômicas (VCF) dos touros, pais das famílias, foi fornecido pela Embrapa Gado de Leite. Deste arquivo, foram selecionados 12 touros com capacidade prevista de transmissão (PTA) positiva para produção de leite, os quais são muito utilizados no Gir Leiteiro e no Girolando. Do arquivo VCF foram extraídas as variantes nucleotídicas no intervalo genômico citado, comparando-as entre as famílias dos 12 touros. Estas variantes foram submetidas à análise na ferramenta online EnsemblVEP (https://www.ensembl.org/info/docs/tools/vep/index.html) a fim de determinar se eram inserções, deleções, substituições ou outro tipo de variante e qual sua consequência na replicação ou na transcrição desta sequência genômica. Foram identificadas quatro variantes de grande efeito em regiões codificantes. Duas variantes são substituições de um único nucleotídeo e ambas causam a inclusão de um códon de parada dentro da sequência proteica codificante. Em outra variante ocorre a deleção de uma base nitrogenada, alterando a fase de leitura da proteína. Na quarta variante de grande efeito ocorre a deleção de quatro ou cinco timinas sequenciais em uma região de fronteira entre íntron e éxon, resultando na formação de mRNAs atípicos. Em conclusão, estas variantes podem impactar positiva ou negativamente na produção de oócitos e embriões na raça Gir, o que pode ser verificado através de estudos posteriores de expressão gênica. Por isso, é de extrema importância verificar como os programas de melhoramento e avaliação genética podem incrementar os ganhos para as características reprodutivas das progênies, avaliando também a correlação entre a produção de oócitos e embriões e o PTA para produção de leite, tanto na raça Gir, quanto na raça Girolando.

Palavras-chaves: características reprodutivas, cromossomo, gado de leite
Keywords: reproductive traits, chromosome, dairy cattle