



XVI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Piracicaba, SP – 04 e 05 de agosto de 2025

Deleção identificada no gene *GIMAP8* em bovinos da raça Pantaneiro: potencial associação com resistência ao carrapato

Lilia Silva Carvalho^{*1}, Emily Alves Rodrigues Almeida¹, Iris de Fátima Silva¹, Geovana Cristina Santos¹, Lorena Morena Pinto De Carvalho¹, Raquel Soares Juliano², Andréa Alves do Egito³, Ana Fabrícia Braga Magalhães¹, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva⁴, Lucas Lima Verardo¹

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina/MG, Brasil; ²Embrapa Pantanal, Corumbá/MT; ³Embrapa Gado de Corte, Campo Grande/MS; ⁴Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora/MG.

*Autor correspondente – lilia.carvalho@ufvjm.edu.br

Rhipicephalus microplus representa um desafio sanitário para a pecuária brasileira. Seu controle é feito, majoritariamente, por meio do uso de acaricidas, cujo uso intensivo tem resultado na seleção de populações resistentes. Assim, o melhoramento genético surge como uma alternativa promissora e sustentável. Raças localmente adaptadas, como a Pantaneiro, constituem recursos genéticos valiosos que podem conter variantes associadas à resistência ao carrapato. Evidências sugerem que o gene *GIMAP8*, da família das GTPases imunológicas (GIMAPs), esteja envolvido nesse mecanismo de resistência. Ele é mais expresso em linfócitos T e B, e, durante infestações por carrapatos, os leucócitos B parecem contribuir para o aumento de linfócitos T CD3+. Neste estudo, objetivou-se identificar, por meio de uma análise *in silico*, variantes de nucleotídeo único (SNVs), inserções e deleções (InDels) na região promotora do gene *GIMAP8* com potencial de alterar a ligação de fatores de transcrição (FTs). Foram analisados dados de sequenciamento genômico de 12 animais da raça Pantaneiro, cujas amostras foram oriundas do Banco de DNA da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Brasília-DF, Brasil). As leituras foram submetidas a controle de qualidade e alinhadas ao genoma de referência bovino ARS-UCD 1.2, conforme as orientações do projeto 1000 Bulls Genome. A identificação e classificação das variantes foram realizadas com a ferramenta *Ensembl Variant Effect Predictor* (VEP). Foram selecionadas variantes localizadas até 5.000 pares de bases *upstream* do início de transcrição do gene *GIMAP8*, com potencial de impactar a ligação de FTs. As sequências de referência e variantes foram obtidas a partir do banco de dados NCBI, gerando arquivos FASTA utilizados como entrada no programa TFM-Explorer para predição de sítios de ligação de fatores de transcrição (TFBS). A análise revelou a presença de sítios de ligação para o fator de transcrição *FOXF2* na região promotora de *GIMAP8*. No entanto, uma deleção identificada em animais da raça Pantaneiro resultou na perda de um desses sítios, sugerindo possível impacto na regulação gênica. A literatura aponta que alterações próximas, ainda que fora da sequência canônica de ligação, podem interferir na interação dos FTs com o DNA. Há também indícios de que *FOXF2* desempenhe funções imunológicas, embora seu papel na resistência ao carrapato ainda requeira investigação. Os resultados indicam que a deleção identificada pode afetar a expressão do gene *GIMAP8* e, potencialmente, contribuir para a resistência ao carrapato em bovinos da raça Pantaneiro.

Palavras-chave: gene candidato, imunidade, parasita.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq (314532/2021-8), Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG (APQ-02638-24 e APQ-02750-23), CAPES (88887.990546/2024-00), Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Embrapa Pantanal, Embrapa Gado de Corte e UFVJM.