



XVI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Piracicaba, SP – 04 e 05 de agosto de 2025

Deleção identificada na região promotora do gene *MOGAT1*: possível impacto no perfil de ácidos graxos do leite em bovinos Caracu

Emily Alves Rodrigues Almeida^{*1}, Lilia Silva Carvalho¹, Iris de Fatima Silva¹, Geovana Cristina Santos¹, Lorena Morena Pinto de Carvalho¹, Andréa Alves do Egito², Marco Antônio Machado³, Ana Fabrícia Braga Magalhães¹, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva³, Lucas Lima Verardo¹

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

*Autor correspondente – emily.alves@ufvjm.edu.br

O leite desempenha um papel essencial na nutrição humana, sendo uma importante fonte de energia e micronutrientes. Entre seus componentes, a gordura se destaca por contribuir com mais de 50% da energia total do leite, além de veicular vitaminas lipossolúveis (A, D, E e K). O valor nutricional dessa fração lipídica está diretamente relacionado ao perfil de ácidos graxos (AG), cuja composição pode ser influenciada por fatores genéticos e não genéticos. Essa característica é complexa e controlada por múltiplos genes. No Brasil, a raça Caracu apresenta potencial para a produção de leite com elevado teor de gordura. Dentre os genes candidatos associados à síntese lipídica, o *MOGAT1* se destaca por sua participação na formação de diacilglicerol, catalisando a ligação entre monoacilglicerol e acil-CoA, etapa fundamental na via de síntese de triacilglicerol. Neste estudo, objetivou-se realizar uma análise *in silico* da região promotora do gene *MOGAT1*, visando identificar variantes com potencial de afetar a ligação de fatores de transcrição (FT). Foram utilizados dados de sequenciamento de 12 bovinos da raça Caracu, com amostras de DNA oriundos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Brasília, Brasil). As sequências foram submetidas ao controle de qualidade e alinhadas ao genoma de referência ARS-UCD 1.2, seguindo as diretrizes do projeto 1,000 Bulls Genome. As variantes de nucleotídeo únicos (SNVs) e inserções/deleções (InDels) foram identificadas e anotadas com a ferramenta Ensembl Variant Effect Predictor (VEP). A partir das variantes identificadas, foram gerados dois arquivos FASTA: um com a sequência de referência do bovino (obtida no NCBI) e outro contendo a sequência com uma deleção específica. Essas sequências foram utilizadas como entrada no programa TFM-Explorer, que emprega matrizes de peso, do banco de dados JASPAR, para prever sítios de ligação de FTs em vertebrados, por meio do cálculo de funções de pontuação. A análise revelou que a deleção resultou na perda de três sítios de ligação para o fator de transcrição *SPI*. Segundo a literatura, o *SPI* está envolvido na regulação do metabolismo lipídico, sendo um regulador chave na síntese e deposição de gordura no leite. Além disso, essa mesma deleção já foi identificada em animais da raça Gir Leiteiro, sugerindo possível relevância funcional comum entre raças adaptadas. Dessa forma, os resultados indicam que a variante identificada pode afetar a expressão do gene *MOGAT1*, influenciando o perfil de ácidos graxos do leite em bovinos da raça Caracu. No entanto, são necessários estudos adicionais, tanto *in vitro* quanto *in vivo*, para elucidar os efeitos funcionais dessa mutação na característica em questão.

Palavras-chave: genômica, saúde, elementos regulatórios.

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 (88887.990540/2024-00), EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Embrapa Gado de Leite e UFVJM.