

# Identificação de regiões cromossômicas e de genes associados com características de produção e qualidade de carne em bovinos de corte

*Primeiro autor: Gustavo Garcia Santiago*

*Demais autores: Santiago, G. G.<sup>1\*</sup>; Siqueira, F.<sup>2</sup>; Regitano, L. C. A.<sup>3</sup>; Cardoso, F. F.<sup>4</sup>; Souza Junior, M. D.<sup>5</sup>; Garcia, J. F.<sup>6</sup>; Ferreira, A. B. R.<sup>7</sup>; Blecha, I. M. Z.<sup>8</sup>; Torres Junior, R. A. A.<sup>2</sup>*

## Resumo

Conhecer a base molecular da variância fenotípica em bovinos permite aumentar a compreensão do controle genético e metabólico sobre características economicamente importantes. Neste contexto, estudos de associação genômica possibilitam a identificação de marcadores moleculares, que estão em desequilíbrio de ligação com regiões cromossômicas associadas a fenótipos relevantes. Esses marcadores facilitam estimar os efeitos genéticos, ambientais e suas interações sobre a manifestação dessas características. Portanto, objetiva-se identificar regiões genômicas e genes associados com características de produção e qualidade de carne em bovinos da raça Canchim, por meio da análise de associação ampla do genoma, utilizando 54.609 marcadores. Foram coletados dados fenotípicos de 496 bezerros, com aproximadamente oito meses de idade, participantes das Provas Canchim de Avaliação de Desempenho, submetidos a confinamento por um período total de 154 dias, sendo 42 dias para adaptação e 112 dias para avaliação de ganho de peso médio diário. Os animais

(1) Mestrando da Universidade Federal do Mato Grosso do Sul – UFMS, gustavo\_garcia-santiago@hotmail.com. (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste. (4) Pesquisador da Embrapa Pecuária Sul. (5) Técnico da ABCCAN e Geneplus/Embrapa. (6) Professor da Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho - UNESP. (7) Analista da Embrapa Gado de Corte. (8) Mestranda da Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul - UEMS. \* Autor correspondente.

apresentaram peso médio inicial de 230 quilos e foram classificados de acordo com características importantes destinadas à produção e qualidade de carne como ganho de peso, peso final, conformação frigorífica, área de olho de lombo, marmoreio e espessura de gordura subcutânea. Amostras de sangue foram coletadas para extração de DNA e posterior obtenção dos genótipos com o Illumina® *BovineS-NP50 v2 BeadChip*. Os genótipos passarão por etapas de controle de qualidade, verificação de subestrutura populacional, associação estatística e confirmação por meio de análise de enriquecimento funcional. A identificação de regiões cromossômicas e genes que influenciam características economicamente importantes em bovinos de corte permitirá a inclusão de marcadores moleculares nas avaliações genéticas utilizadas em programas de melhoramento animal. Essas informações contribuirão para o conhecimento dos mecanismos biológicos e da arquitetura genética da característica de interesse, ou seja, quantos genes estão envolvidos em sua expressão, o efeito de cada gene e a interação entre eles na manifestação fenotípica.

### **Parceria / Apoio financeiro**

Embrapa, Geneplus, UFMS, UNESP, ABCCAN e Capes.