

Análise de haplótipos em QTL associado ao conteúdo de ferro no músculo de bovinos Nelore

Wellison Jarles da Silva Diniz¹

Polyana Cristine Tizioto²

Fabiana Barichello Mokry²

Maurício de Alvarenga Mudadu³

Marcela Maria de Souza⁴

Luciana Correia de Almeida Regitano³

¹Mestrando em Genética evolutiva e biologia molecular, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP, wjarles09@gmail.com;

²Pós-doutoranda, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP;

³Pesquisador, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP; Pesquisadora CNPq

⁴Doutoranda, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP;

Os minerais são necessários à manutenção da homeostase celular uma vez que participam de diversos processos metabólicos. Dentre os minerais, o ferro (Fe) está envolvido no transporte de oxigênio, produção de energia e desbalanços em sua homeostase têm sido associados a doenças metabólicas. Um estudo anterior com animais Nelore identificou um QTL (Locus de característica quantitativa) de maior efeito localizado no BTA 12 a 72 Mb, o qual explicou 6,53% da variância aditiva para conteúdo de Fe no músculo. Visando reduzir o intervalo de 1-Mb desta região do QTL encontrada e identificar potenciais genes candidatos de efeitos maiores para variação do conteúdo de Fe foram construídas combinações haplotípicas a partir dos genótipos provindos do *Illumina BovineHD BeadChip*, as quais foram utilizadas para realizar um estudo de associação. Para tal, foram utilizados 374 animais descendentes de 34 touros Nelore, registrados, que representam a variabilidade genética da raça. Amostras do *Longissimus dorsi* foram coletadas quando do abate desses animais e o conteúdo de Fe foi determinado pela digestão de 100g da amostra e quantificação por espectrometria de massa e de emissão óptica com plasma de argônio indutivamente acoplado. Os animais foram genotipados com o *Illumina BovineHD BeadChip* (Illumina, Inc., San Diego, CA). A região de 1-Mb do QTL foi estendida 500 Kb *upstream* e *downstream* do QTL. As fases de ligação foram inferidas pelo *software* Beagle 3.3.2. e os blocos haplotípicos foram construídos utilizando o *software* Haploview. Para análise de associação foram utilizados valores genéticos genômicos estimados a partir de análises bayesianas (BayesB) de associação genômica ampla realizadas anteriormente. O modelo do estudo de associação genômica ampla incluiu os efeitos fixos de grupo contemporâneo, formado utilizando os dados de locais de nascimento e de confinamento, estação de monta e grupo de abate, e a idade do animal no momento do abate foi incluída como covariável. As análises de associação entre os valores genéticos genômicos e conteúdo de Ferro no músculo *L. dorsi* foram realizadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) utilizando o programa SAS. Foram identificados 73 SNPs na região analisada, dos quais apenas 29 apresentaram desequilíbrio de ligação suficiente para formarem blocos haplotípicos. O tamanho dos 15 blocos formados variou de 2,7 a 26,7 Kb, e o número de SNPs por bloco variou de dois a oito. Dentre os 15 blocos haplotípicos construídos apenas seis foram associados à característica alvo ($p < 0,05$). A região compreendida pelos haplótipos associados abriga genes da família ABC (*ATP-binding cassette family*), tal como o ABCC4. Proteínas dessa família estão relacionadas ao transporte de íons metálicos através da membrana celular e participam de rotas de sinalização do metabolismo de xenobióticos. Estudos posteriores deverão ser realizados para entender o papel dos genes da família ABC na arquitetura genética subjacente ao conteúdo de ferro.

Palavras-chave: ABC, *Bos indicus*, blocos de haplótipos, minerais

Apoio financeiro: Fapesp (Nº 12/23638-8); Capes.

Área: Genética e Melhoramento Animal