



NOVA DELEÇÃO IDENTIFICADA EM BOVINOS DA RAÇA GIR LEITEIRO: POSSÍVEL RELAÇÃO COM PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS NO LEITE

ALMEIDA, E.A.R¹; CARVALHO, L.S¹; PANETTO, J.C.C²; SILVA, M.V.G.B²; MAGALHÃES, A.F.B³; VERARDO, L.L³

¹Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, email: emilyalvesrodrigues2609@gmail.com;

²Pesquisador, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora/MG;

³Professor Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

O leite e os produtos lácteos são fontes nutritivas na dieta humana. A alta qualidade nutricional desses produtos está relacionada à qualidade da gordura do leite, no qual os ácidos graxos (AG) podem apresentar propriedades benéficas à saúde humana. Os AG podem ser alterados por fatores genéticos e não genéticos. Entre os genes candidatos para perfil de AG no leite, o *MOGATI* destaca-se devido à sua associação com a síntese do diacilglicerol, desempenhando um papel na ligação de um monoacilglicerol a uma porção acil-CoA. Esses diacilgliceróis são precursores de diversos lipídios, incluindo fosfolipídios e triacilgliceróis. Dessa forma, nosso objetivo foi analisar *in silico* a região a montante deste gene em busca de variantes que possam influenciar a ligação de fatores de transcrição (FT). Foram analisados dados de sequenciamento completo do genoma de 13 animais da raça Gir leiteiro. As amostras de DNA foram fornecidas pela Embrapa Gado de Leite, localizada em Juiz de Fora, Brasil. As sequências foram submetidas a controle de qualidade e alinhadas ao genoma bovino de referência ARS-UCD 1.2, seguindo as diretrizes do projeto 1000bulls. Os SNVs e InDels foram classificados e identificados com a ferramenta Ensembl Variant Effect Predictor (VEP). Dessa forma, foi realizada uma análise *in silico* da região upstream do gene *MOGATI* para anotar variantes com potenciais efeitos na ligação de fatores de transcrição (FT). O arquivo FASTA contendo a sequência de referência do bovino foi obtido no banco de dados de NCBI e, a partir desta, foram montadas as sequências com as variantes identificadas via VEP. Essas sequências foram utilizadas como entrada no programa TFM-explorer (<http://bioinfo.lifl.fr/TFM/TFME>), que aplica matrizes de peso do banco de dados de vertebrados JASPAR para identificar potenciais regiões de ligação de fatores de transcrição, calculando uma função de pontuação. Foi identificado uma deleção que promoveu a perda de um sítio de ligação do fator de transcrição *SPI*. Na literatura, este FT está relacionado com a regulação do metabolismo lipídico, desempenhando um papel importante na formação da gordura do leite. Uma vez que o gene *MOGATI* tem sido associado a ácidos graxos insaturados (AGIs), a perda do sítio de ligação para FT *SPI* em bovinos da raça Gir pode ter um impacto negativo no perfil de ácidos graxos, principalmente em relação aos AGIs. Embora o gene *MOGATI* seja considerado um candidato promissor para perfil de AG, o seu mecanismo de ação em bovinos da raça Gir ainda necessita de investigações mais aprofundadas.

Palavras-chave: genoma, Gir, perfil de ácidos graxos, sequenciamento.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq (314532/2021-8) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG (APQ-02638-24 e APQ-02750-23), CAPES, EMBRAPA Gado de Leite e UFVJM.