

GENE *PRLR*: CANDIDATO PARA PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS NO LEITE

Emily. A. R. Almeida^{1*}, Karem. S. O. Silva¹, Lília. S. Carvalho¹, Lorena. M. P. de Carvalho¹, Geovana. C. dos Santos¹, Alice. S. Pereira¹, Marcela. R. Duarte¹, Kênia. T. M. Lourenço¹, Danielle. G. Moreira¹, Marcos. V. G. B. da Silva², João. C. C. Panetto², Marco. A. Machado², Ana. F. B. Magalhães¹, Lucas. L. Verardo¹

¹ Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Departamento de Zootecnia, Diamantina, Minas Gerais, Brasil, 39100-000

² EMBRAPA Gado de Leite, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil, 36038-330

*e-mail: emily.alves@ufvjm.edu.br

O leite é uma das principais commodities agropecuárias globais, consumido diariamente por bilhões de pessoas e desempenhando um papel fundamental como fonte de nutrientes na alimentação humana. A qualidade do leite bovino está intrinsecamente ligada à qualidade de sua gordura, uma vez que os ácidos graxos possuem propriedades benéficas à saúde humana. Dessa forma, o estudo do perfil de ácidos graxos no leite tem ganhado destaque nas pesquisas globais, visando entender os mecanismos biológicos que influenciam a expressão dos fenótipos relacionados a esse perfil. A identificação de genes candidatos por meio de estudos genômicos, como os de associação genômica ampla (GWAS) e dados de sequenciamento, pode elucidar a arquitetura genética desta característica no leite. Além disso, estudos pós-genômicos, que envolvem a análise de redes gene-processos biológicos, podem aprofundar o entendimento dos genes e da expressão fenotípica dessa característica. O objetivo deste trabalho foi identificar e elucidar genes candidatos relacionados ao perfil de ácidos graxos no leite, com variantes observadas no genoma de bovinos da raça Gir. Foi realizada uma revisão sistemática de estudos de GWAS com o intuito de identificar genes candidatos. Os genes previamente identificados foram examinados quanto à presença de SNVs e InDels nas regiões promotoras, 5'UTR e áreas codificadoras no genoma de bovinos da raça Gir. Dados de sequenciamento completos do genoma de 13 animais dessa raça, fornecidos pela Embrapa Gado de Leite, foram analisados. Dos genes identificados, 76 apresentaram SNVs e InDels. Utilizando o ClueGo, uma ferramenta do Cytoscape, redes biológicas relacionadas ao perfil de ácido graxo foram geradas. O gene *PRLR* destacou-se por estar associado à característica analisada, sendo um receptor na via de sinalização para a prolactina (PRL), a qual exerce suas funções metabólicas através da via JAK2/STAT, regulando a transcrição de genes alvos. A análise funcional desses genes permitiu identificar processos biológicos enriquecidos relacionados com o perfil de ácidos graxos no leite, abrindo caminho para futuros trabalhos que visem determinar genes candidatos com potencial para modificar a composição da gordura do leite e ampliar seus benefícios à saúde humana.

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.