

PUM1: GENE CANDIDATO A RESISTÊNCIA AO CARRAPATO EM BOVINOS DA RAÇA GIR LEITEIRO

Líliá S. Carvalho^{1*}, Emily A. R. Almeida¹, Karem. S. O. Silva¹, Geovana C. dos Santos¹, Lorena M. P. de Carvalho¹, Danielle G. Moreira¹, Kênia T. M. Lourenço¹, Alice S. Pereira¹, Marcela R. Duarte¹, Ana F. B. Magalhães¹, Marco A. Machado², João C. C. Panetto², Marcos V. G. B. da Silva², 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: lilia.carvalho@ufvjm.edu.br

O *Rhipicephalus microplus* representa uma séria preocupação para a pecuária brasileira, devido aos prejuízos significativos que provoca. O uso excessivo e não orientado de carrapaticidas tem resultado na seleção de carrapatos resistentes, além de causar danos ambientais e afetar a saúde de animais e pessoas. Portanto, é essencial buscar alternativas mais seguras e eficazes. Pesquisas sugerem que a resistência dos bovinos aos carrapatos tem uma base genética. Além disso, análises pós-GWAS, que combinam redes gênicas e dados de sequenciamento, têm o potencial de identificar genes candidatos e esclarecer os mecanismos de interação hospedeiro-patógeno, assim como descobrir variantes funcionais. Neste trabalho, empregamos genes anteriormente identificados para buscar variantes (SNV e InDels) nas regiões promotoras, 5'UTR e codificadoras, utilizando dados de ressequenciamento de bovinos Gir leiteiro. Foram analisados os genomas completos de 13 animais Gir Leiteiro fornecidos pela Embrapa Gado de Leite. O objetivo deste trabalho foi compilar uma lista de genes candidatos à resistência aos carrapatos em bovinos. Foram selecionados genes que exibiam variantes em regiões críticas do genoma com base nos dados de sequenciamento do Gir Leiteiro. As redes de genes de processos biológicos foram geradas para ressaltar as interações genéticas associadas à resistência aos carrapatos. Foram identificados 85 genes candidatos que exibiam variantes identificadas nas sequências estudadas. Com base nesses dados, foi construída uma rede gene-processo biológico, na qual destacou-se o gene *PUM1*, associado a processos imunológicos. A literatura sugere que o processo biológico da via de sinalização RIG-I, associado ao gene *PUM1*, é crucial para controlar infecções virais e reconhecer patógenos citoplasmáticos. Dado que os carrapatos são vetores de diversos vírus, o papel do gene *PUM1* pode ser fundamental no reconhecimento e controle desses patógenos. Consequentemente, foram identificados genes candidatos associados à resistência ao carrapato em bovinos Gir leiteiro, com variantes localizadas em regiões estratégicas do genoma desses animais, sugerindo vias promissoras para o desenvolvimento de estratégias de controle genético de carrapatos.

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.