

Mapeamento de genes a partir de marcadores SNPs identificados em análise de associação genômica

Karoline da Silva Vaz Oliveira¹; Bruna Pena Sollero²; Henry Gomes de Carvalho³; Marcos Yokoo²; Fernando Flores Cardoso².

O carrapato *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* parasita bovinos e acarreta prejuízos econômicos ao setor agropecuário. Portanto, a identificação de animais geneticamente mais resistentes ao carrapato é de grande interesse, sendo possibilitada pela seleção genômica. Os SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) são marcadores genéticos que podem influenciar características de importância econômica e são amplamente utilizados em estudos de associação e seleção genômica. A partir dos resultados de um estudo de associação genômica ampla, em que 3.455 bovinos das raças Hereford e Braford (fenotipados para contagem de carrapatos) foram genotipados para 41.045 marcadores SNPs, ferramentas de bioinformática foram utilizadas para investigar posicionalmente e funcionalmente genes mapeados próximos a 105 SNPs; os quais apresentaram maiores efeitos relacionados à característica resistência ao carrapato. As análises foram realizadas no Laboratório de Bioinformática e Estatística Genômica do CPPSul. Bancos de dados públicos com informações de variações nas sequências nucleotídicas de uma variedade de espécies, como o “Ensembl genome browser” e o NCBI (“National Center for Biotechnology Information”) foram acessados via scripts em PERL, comandos BEDtools e pacotes do programa R (“NCBI2R”). A análise de enriquecimento funcional foi realizada com auxílio do programa STRING v10. As informações genômicas relacionadas aos 105 SNPs foram importadas para o Sistema de Gerência de Banco de Dados MySQL para organização dos dados. No total, 138 genes foram identificados por 71 SNPs (68%) mapeados no genoma *Bos taurus*, enquanto 21 SNPs foram mapeados no genoma humano. Estes genes potencialmente estão relacionados com o mecanismo de resposta fisiológica da característica resistência do bovino ao carrapato.

Palavras-chave: banco de dados; bioinformática; Single Nucleotide Polymorphism.

¹ Acadêmica do Curso de Medicina Veterinária, URCAMP, Bolsista CNPq
Karolvazoliveira67@hotmail.com

² Pesquisador da Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS. bruna.sollero@embrapa.br;
marcos.yokoo@embrapa.br; fernando.cardoso@embrapa.br

³ Analista da Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS. henry.carvalho@embrapa.br,