



ILHAS DE CORRIDAS DE HOMOZIGOSE EM TOUROS DA RAÇA GIROLANDO REVELAM GENES ASSOCIADOS A RUSTICIDADE

SOUZA, K.G.L.¹; DUARTE, M.R.²; PANETTO, J.C.C.³; SILVA, M.V.G.B.³; MAGALHÃES A.F.B.⁴; VERARDO, L.L.⁴

¹Mestrando em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, email: souza.lima@ufvjm.edu.br;

²Pós-doutoranda em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri;

³Pesquisador da Embrapa Gado de Leite;

⁴Professor(a) Adjunto, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

A raça Girolando tem grande participação na produção de leite do Brasil. Desse modo, estratégias e estudos genômicos que auxiliem no maior entendimento da arquitetura genética da raça são importantes. Usando marcadores de Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNP), a identificação de regiões do genoma em homozigosidade permite explorar ilhas, nas quais genes candidatos para características de interesse zootécnico podem ser observados. Neste estudo, buscou-se identificar corridas de homozigose (ROH) com foco em ilhas de ROH de touros Girolando. Foram utilizados 411 touros Girolando do Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG), genotipados com microarranjo de DNA de 50K. As ROH foram demarcadas usando o software PLINK versão 1.09, cujo os parâmetros determinados foram: comprimento mínimo da janela de 120 SNPs, tamanho máximo do intervalo entre dois SNPs de 1.000 kb, comprimento mínimo de ROH de 1.000 kb, número mínimo de SNPs potenciais de 50, três heterozigotos permitidos por janela, máximo de uma chamada perdida por janela, comprimento de janela deslizante de 50 SNPs e proporção de janelas sobrepostas que devem ser homozigóticas > 0,05. As ilhas de ROH compartilhadas entre os indivíduos foram obtidas por meio da função “-homozyg-group”. Em busca dos genes presentes nas regiões de ilhas, foi usada a anotação da montagem ARS-UCD1.2 do genoma bovino e para compreensão dos processos biológicos dos genes, foram geradas redes gênicas utilizando o plugin CLueGO do software Cytoscape via teste hipergeométrico bilateral e correção de Bonferroni. Foi identificada uma ilha de ROH no cromossomo 1 e identificados 19 genes. Destes, os genes *MECOM* e *SEC62* se destacaram na rede gene-processos biológicos. O gene *MECOM* corresponde ao complexo do locus MDS1 e EVI1, estando relacionado ao processo de regulação negativa da cascata JNK e atua como regulador transcricional, desenvolvimento, apoptose e proliferação, estando associado ao escore de células somáticas. O gene *SEC62* é um fator de translocação de pré-proteína e está envolvido no processamento de proteínas na via do retículo endoplasmático (RE). Apresenta funções na importação de proteínas do RE, na fagia do RE e, em cooperação com a proteína citosólica calmodulina na manutenção da homeostase do cálcio celular. Este gene foi identificado como um componente molecular crítico na manutenção e recuperação da homeostase do RE, além de ter sua expressão gênica acentuada em resposta de células epiteliais vaginais bovinas a uma cepa isolada de *Lactobacillus*. Estes resultados sugerem que, na população de touros do PMGG, estes genes podem atuar na sinalização celular via resposta

imune a agentes patológicos e ao próprio ciclo celular, contribuindo na melhor performance imunológica da população, promovendo uma maior rusticidade.

Palavras-chave: análises genômicas amplas, análise funcional, redes gênicas.

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 UFMG.