



## Nº 271 – COMPARAÇÃO DE ANÁLISES DE DIFERENCIAL DE DISPERSÃO E EXPRESSÃO EM BOVINOS DE CORTE CRIADOS A PASTO

**Julia Lisboa Rodrigues**<sup>(1)</sup>; Rafael Nakamura Watanabe<sup>(1)</sup>; Tainã Figueiredo Cardoso<sup>(2)</sup>; Luciana Correia de Almeida Regitano<sup>(2)</sup>; Priscila Arrigucci Bernardes<sup>(3)</sup>; Ricardo Andrade Reis<sup>(1)</sup>; Danísio Prado Munari<sup>(1)</sup>

<sup>1</sup> Universidade Júlio de Mesquita Filho, Campus de Jaboticabal. <sup>2</sup> Embrapa Pecuária Sudeste.

<sup>3</sup> Universidade Federal de Santa Catarina

### OBJETIVOS

Comparar o resultado de enriquecimento gênico e vias KEGG, de bovinos Nelore criados a pasto, considerando o fenótipo: frequência de consumo de água (FCA), sob duas abordagens:

- i) lista única contendo 25 genes (10 infraregulados e 15 supraregulados) identificados a partir de análise de diferencial de dispersão (DD)
- ii) lista única contendo 27 genes (9 infraregulados e 18 supraregulados) identificados a partir de análise de diferencial de expressão (DE)

### MATERIAL E MÉTODOS



Amostras de 10 animais extremos para FCA foram sequenciadas

Controle de qualidade das leituras: *software* FastQC

Sequências foram aparadas: *software* Trimmomatic

Sequências alinhada: genoma bovino versão ARS-UCD 1.2 pelo *software* HiSat2



Contagem das leituras: *software* R – pacote Feature Counts



Normalização da leitura e a análise de DD e DE: pacote MDSeq e DESeq2, respectivamente, no *software* R

- Os perfis de regulação dos genes com p-valor ajustado < 0,1 foram considerados diferencialmente dispersos e expressos, respectivamente.
- A análise funcional de enriquecimento e vias KEGG foram realizadas pelo *software* DAVID (versão atualizada 2021), vias e genes com p-valor < 0,1, foram considerados enriquecidos.

### RESULTADOS

A análise DD não apresentou vias enriquecidas, enquanto a análise DE apresentou 3 vias enriquecidas, englobando 5 genes distintos diferencialmente expressos (DEX) envolvidos.

A análise DD apresentou 3 genes enriquecidos englobando 12 genes distintos diferencialmente dispersos envolvidos e DE apresentou 2 genes enriquecidos, englobando 5 genes distintos DEX.

### CONCLUSÃO

A análise de DE apresentou mais genes e vias enriquecidas, quando comparada à análise DD. A quantidade inferior de genes e vias enriquecidas na análise de DD pode ter ocorrido, pois, o pacote MDSeq considera o excesso na contagem de zeros não biológicos gerados durante o processo de sequenciamento do RNA.

### AGRADECIMENTOS

FAPESP (2018/20753-7); CAPES (001); CNPq (130045/2022-5); UNESPFor

