

COMPARAÇÃO DE VIAS KEEG E DE ENRIQUECIMENTO GÊNICO EM GENOMA DE ANIMAIS F1 ANGUS X NELORE

Julia Lisboa Rodrigues^{1*}; Rafael Nakamura Watanabe¹; Tainã Figueiredo Cardoso²; Luciana Correia de Almeida Regitano²; Luiz Lehmann Coutinho³; Ricardo Andrade Reis¹; Danísio Prado Munari¹

¹Universidade Júlio de Mesquita Filho, Campus de Jaboticabal. ²Embrapa Pecuária Sudeste.

³Universidade de São Paulo. *E-mail do autor apresentador: lisboa.rodrigues@unesp.br.

Técnicas de sequenciamento de alto rendimento, como a do RNA-Seq, podem ser utilizadas para identificar genes e vias metabólicas associadas às características de interesse econômico na pecuária. A análise da expressão gênica de animais mais adaptados a determinado ambiente oferece importante indício sobre suas funções e são fundamentais para o progresso genético de uma população. O objetivo deste trabalho foi comparar o resultado de enriquecimento gênico e vias KEGG, considerando duas abordagens: i) análise individual da lista de genes suprarregulados e infraregulados (ASEP) e ii) lista única contendo todos genes infra e supra regulados (ACON), identificados a partir de análise de diferencial de dispersão (DD) em animais F1 (Nelore x Angus). Foram considerados os fenótipos: frequência de consumo de água (FCA) (ACON, N = 21 genes, ASEP, N = 9 genes suprarregulados e N = 12 genes infraregulados) e atividade geral (ATG) (andar, pastejo, ruminação, visitas do animal no cocho e bebedouro) (ACON, N = 41 genes, ASEP, N = 3 genes suprarregulados e N = 38 genes infraregulados). Previamente, amostras de 10 animais extremos para FCA e ATG foram sequenciadas. O controle de qualidade das leituras foi realizada pelo *software* FastQC, e as sequências foram trimadas pelo *software* Trimmomatic. Posteriormente, as sequências foram alinhadas utilizando o genoma de referência bovino versão ARS-UCD 1.2 pelo *software* HiSat2. A contagem das leituras foi realizada no *software* R, utilizando o pacote FeatureCounts. A normalização da leitura e a análise de DD dos genes foram realizadas pelo pacote MDSeq do *software* R. Os perfis de regulação dos genes com p-valor ajustado < 0,1 foram considerados diferencialmente dispersos. A análise funcional de enriquecimento e vias KEGG foram realizadas pelo *software* DAVID (versão atualizada 2021), vias com p-valor < 0,1 foram consideradas enriquecidas. A ACON e ASEP apresentaram 1 via enriquecidas, englobando 10 e 6 genes distintos DD, respectivamente, para FCA. No fenótipo ATG, ACON e ASEP apresentaram 2 e 3 vias enriquecidas com 17 e 15 genes distintos DD, respectivamente. Ambas as análises apresentaram FDR > 0,05 para todas as vias KEEG encontradas. A ACON pode favorecer análises de interação e levar ao aumento de genes funcionais e enriquecidos identificados relacionados aos fenótipos de interesse. ASEP e ACON não influenciaram a quantidade de vias enriquecidas para FCA.

Palavras-chave: bovino de corte, RNA-Seq

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