

ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA E ANÁLISE DAS VIAS BIOLÓGICAS PARA DOMINÂNCIA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

Júlia de Paula Soares Valente^{1,2}, Rafaela Martins*^{1,2}, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante³, Sarah Gianvechio⁴, Laila Talarico Dias^{1,2}

*e-mail: rafaelamartins.zootecnia@gmail.com

¹Laboratório de Genética Aplicada ao Melhoramento Animal (GAMA), Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Paraná (UFPR), Curitiba, 80035-050, Brasil.

²Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Departamento de Zootecnia, UFPR, Curitiba, 80035-050, Brasil.

³Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, 13380-011, Brasil.

⁴Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho”, Via de Acesso Professor Paulo Donato Castellane S/N, Jaboticabal, 14884-900, Brasil.

Animais que apresentam comportamento dominante, em geral, têm acesso prioritário ao cocho de alimentação e água e, conseqüentemente, têm a performance favorecida quando comparada aos animais subordinados. Uma forma de avaliar a dominância social é a partir do valor de dominância (VD), mas pouco se sabe sobre os efeitos genéticos relacionados à expressão dessa característica em bovinos. O estudo de associação genômica ampla (GWAS) permite identificar genes candidatos associados às características de interesse na produção animal. Portanto, os objetivos deste estudo foram identificar regiões genômicas associadas à dominância (VD) e elucidar as vias metabólicas relacionadas à expressão desta característica em bovinos Nelore. Foram utilizados registros de 970 bovinos machos da raça Nelore, nascidos entre 2012 e 2020, com média de idade de 282 ± 39 dias no início do teste de eficiência alimentar, pertencentes ao rebanho do Instituto de Zootecnia, Sertãozinho, São Paulo, Brasil. O VD foi calculado em função do número de vezes em que o animal substituiu ou foi substituído no cocho. Todos os animais foram genotipados com painéis de 770k ou 75k. Os resultados do ssGWAS foram apresentados como uma proporção da variância genética aditiva total explicada pelas janelas genômicas de 2 Mp de SNPs adjacentes. Foram encontrados 45 genes nos cromossomos BTA2 (6 genes), BTA5 (6 genes), BTA9 (16 genes) e BTA11 (17 genes), que explicaram, respectivamente, 3,74%, 3,99%, 11,71% e 10,45% da variância genética aditiva do valor de dominância. Desses genes ressaltam-se o gene *PLXNC1* (BTA 5) que foi identificado em duas vias biológicas de regulação positiva do prolongamento de axônios (GO:0050772) e regulação positiva da neurogênese (GO:0050769). Essas vias biológicas estão relacionadas com o desenvolvimento do sistema neurológico. Além desse, foi encontrado o gene *FGD6*, no mesmo cromossomo, sendo que, em humanos foi identificado e associado ao autismo, que é um transtorno no desenvolvimento neurológico da criança que gera alterações na comunicação, dificuldade (ou ausência) de interação social e mudanças no comportamento. Desse modo, o estudo de genes relacionados ao neurodesenvolvimento pode contribuir para melhor compreender a expressão da característica de valor de dominância em bovinos.

Palavras-chave: bos indicus; comportamento social; genômica.

Agradecimentos: à CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, Brasil) pela bolsa de estudos do 1º. autor. À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, bolsa nº 2017/10630-2 e bolsa nº 2017/50339-5) pelo suporte financeiro para realizar os experimentos no Instituto de Zootecnia.