

COMPARAÇÃO DE ANÁLISES DE DIFERENCIAL DE DISPERSÃO E EXPRESSÃO EM BOVINOS DE CORTE CRIADOS A PASTO

Julia Lisboa Rodrigues^{1*}; Rafael Nakamura Watanabe¹; Tainã Figueiredo Cardoso²; Luciana Correia de Almeida Regitano²; Priscila Arrigucci Bernardes³; Ricardo Andrade Reis¹; Danísio Prado Munari¹

¹Universidade Júlio de Mesquita Filho, Campus de Jaboticabal. ²Embrapa Pecuária Sudeste. ³Universidade Federal de Santa Catarina. *E-mail do autor apresentador: lisboa.rodrigues@unesp.br.

Bovinos Nelore são animais adaptados à climas tropicais, assim a identificação de genes e vias metabólicas relacionados à características adaptativas e econômicas é de suma importância. Técnicas de sequenciamento de alto rendimento, como o RNA-Seq, podem ser utilizadas em análise de expressão gênica, auxiliando o progresso genético e seleção dos animais. O objetivo deste trabalho foi comparar o resultado de enriquecimento gênico e vias KEGG, considerando duas abordagens: i) lista única contendo 25 genes (10 infraregulados e 15 supraregulados) identificados a partir de análise de diferencial de dispersão (DD) e ii) lista única contendo 27 genes (9 infraregulados e 18 supraregulados) identificados a partir de análise de diferencial de expressão (DE), considerando o fenótipo: frequência de consumo de água (FCA) de bovinos Nelore criados a pasto. Previamente, amostras de 10 animais extremos para FCA foram sequenciadas. O controle de qualidade das leituras foi realizada pelo software FastQC e as sequências foram aparadas 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 e DE dos genes foram realizadas pelo 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. 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. 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.

Palavras-chave: RNA-Seq, nelore

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