

ESTUDO DE ANCESTRALIDADE NO PROCESSO DE INTROGRESSÃO DO GENE DA MIOSTATINA NA LINHAGEM CONGÊNICA DE BOVINOS NELORE MYO

Amanda Martins Apolinário¹; Adriana Santana do Carmo¹; Yuri Tani Utsunomiya^{2,3};

Isabela da Silveira Padilha²; Rodrigo Vitorio Alonso⁴;

¹Departamento de Zootecnia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil.

²São Paulo State University (Unesp). School of Veterinary Medicine, Araçatuba. Department of Support, Production and Animal Health, São Paulo, Brazil.

³International Atomic Energy Agency (IAEA) Collaborating Centre on Animal Genomics and Bioinformatics, Araçatuba, São Paulo, Brazil.

⁴Nelore Myo Genética Bovina LTDA

*E-mail do autor apresentador: isabelapadilha@discente.ufg.br

Devido ao aumento da demanda por alimentos e a preocupação com o impacto ambiental da pecuária, novas linhagens bovinas estão sendo desenvolvidas para melhorar a eficiência dos sistemas de produção. Nesse cenário, foi criada a linhagem Nelore Myo, que é caracterizada pela introgressão da mutação nt821 (del11) do gene da Miostatina na raça Nelore (*Bos indicus*). O presente trabalho objetivou avaliar a ancestralidade de 99 animais heterozigotos para a mutação no gene, pertencentes a três gerações (G2, G3 e G4) de Nelore Myo. Para tal, foram utilizados genótipos de 777963 marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (Illumina® BovineHD BeadChip). Foi utilizada a análise de componentes principais (PCA) e de admixture para estimar a ancestralidade global e uma máquina de vetor de suporte (SVM) a fim de avaliar a ancestralidade local dos haplótipos. A biblioteca haplotípica de treinamento foi composta por haplótipos *Bos indicus* obtidos com dados genotípicos das raças Gir e Nelore, e haplótipos *Bos taurus* de amostras de Charolês e Limousin. A análise de admixture mostrou um padrão semelhante à de PCA, em que as gerações posteriores apresentaram níveis mais baixos de ancestralidade *Bos taurus* que gerações anteriores. As médias estimadas por admixture ficaram próximas do esperado ($p=0,608$), com G2, G3 e G4 apresentando valores em torno de 30%, 12% e 4%, respectivamente. A seleção para deleção deixou um ponto ativo de ancestralidade de *Bos taurus* no cromossomo 2 em todas as gerações analisadas. As proporções de *Bos taurus* no genoma global dos animais, reduziram a cada geração, demonstrando que após a quarta geração os animais apresentam apenas 6,25% e 4% pelas metodologias de SVM e admixture, respectivamente. A distribuição do comprimento do haplótipo taurino através das gerações demonstrou que o tamanho médio não se desviou significativamente ($p > 0,05$) das expectativas, apresentando tamanhos médios de G2= 43 Mbp, G3= 20 Mbp, G4 = 22 Mbp. O presente trabalho demonstrou que os animais Nelore Myo apresentam aproximadamente 93% de genoma *Bos indicus* após a quarta geração.

Palavras-chave: Nelore; Belgian Blue; Miostatina

Agradecimentos: Agradecemos ao Nelore Myo e ao HapMap Consortium pela cessão dos genótipos.