

## IDENTIFICAÇÃO DE POTENCIAIS VARIANTES CAUSAIS DA EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS NELORE

Gabriela Ribeiro<sup>\*1</sup>; Pâmela Almeida Alexandre; Aline Silva Mello Cesar; José Bento Sterman Ferraz; Heidge Fukumasu.

\*Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB), Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo;

<sup>1</sup>*gabriela.ribeiro.br@gmail.com*

A Eficiência Alimentar (EA) em gado de corte é um fenótipo de grande importância uma vez que animais mais eficientes melhoram a produtividade e sustentabilidade da cadeia produtiva. No entanto, avaliar EA é uma atividade lenta e onerosa sendo necessário novas abordagens para identificar animais superiores. Uma possível estratégia é a identificação de marcadores moleculares que podem permitir a identificação prévia de animais de maior EA. Marcadores associados à EA já foram descritos inclusive na raça Nelore, porém estes em sua maioria não são causais, tendo sido determinados em estudos de associação ampla do genoma (GWAS). Em nosso trabalho, o objetivo foi identificar potenciais variantes causais associadas à EA em bovinos Nelore, através da detecção de polimorfismos funcionais, a partir do transcriptoma hepático. Para tal, foi realizado confinamento com 98 animais Nelore machos inteiros tendo sido utilizadas amostras de fígado de 8 animais de alta EA (aEA) e 8 de baixa EA (bEA), avaliados pelo Consumo Alimentar Residual (CAR). O RNA-seq foi realizado a partir de amostras de RNA total. Análises de bioinformática foram realizadas para alinhar as sequências ao genoma de referência (UMD3.1), controle de qualidade e para a detecção de variantes expressas associadas ao fenótipo. Foram encontrados ao total 268.393 SNPs, sendo que destes 2.149 foram associados significativamente à EA de acordo aos critérios utilizados. Os SNPs significativos foram analisados quanto às suas consequências funcionais, tendo sido encontrados 247 variantes "missense", aquelas as quais ocorre troca de nucleotídeo alterando o aminoácido produzido e consequentemente a proteína. Essas variantes "missense" estão localizadas em 187 genes, dos quais selecionamos os mais significativos, sendo 21 genes com funções relacionadas a: metabolismo lipídico, proteico e de carboidratos, sistema imune, resposta à bactérias e inflamação dentre outros. Estas vias biológicas corroboram com os processos já determinados em nossos trabalhos prévios e de outros. Mais importante é o fato deste trabalho demonstrar pela primeira vez a identificação de potenciais variantes causais do fenótipo de EA, já que estas variantes estão sendo expressas e potencialmente modificam a atividade das proteínas identificadas. O próximo passo deste trabalho é validar estes resultados em populações diferentes de animais Nelore avaliados para eficiência alimentar.

Palavras-chave: variante causal, RNAseq, consumo alimentar residual.