



30º CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA

10 a 14 de Maio de 2021

ISBN: 978-65-89908-12-8

IDENTIFICAÇÃO DE SNP EM REGIÃO CODIFICANTE DO GENE *LRRC66* ASSOCIADO À DEPOSIÇÃO DE GORDURA INTRAMUSCULAR EM SUÍNOS

30º Zootec, 1ª edição, de 10/05/2021 a 14/05/2021

ISBN dos Anais: 978-65-89908-12-8

SILVA; Bruna Pereira Martins da ¹, GOMES; Julia Dezen ², FREITAS; Felipe André Oliveira ³, FANALLI; Simara Larissa ⁴, MOREIRA; Gabriel Costa Monteiro ⁵

RESUMO

A identificação de polimorfismos do tipo nucleotídeo único (SNP - Single Nucleotide Polymorphism) em regiões transcritas ou codificantes do genoma tem sido foco de muitos estudos na área da ciência animal e humana. A disponibilidade de ferramentas da biologia molecular como o sequenciamento de nova geração, da bioinformática e da bioestatística tem permitido a identificação de novos SNPs em todo o genoma (DNA) e transcriptoma (sequenciamento de RNA mensageiro, RNAm). Com esta oportunidade, o objetivo deste estudo foi identificar SNPs a partir de dados de sequenciamento do RNAm (RNA-Seq) de amostras do músculo *Longissimus dorsi* e associá-los a características de interesse econômico para a produção de suínos. Neste estudo, a característica de interesse econômico avaliada foi a deposição de gordura intramuscular a qual está diretamente associada à satisfação do consumidor em relação à carne suína, influenciando na maciez, sabor e suculência. As amostras de músculo para a avaliação do conteúdo de gordura intramuscular e RNA-Seq foram obtidas de uma população de 72 suínos machos imunocastrados da raça *Large White*. A porcentagem de gordura intramuscular presente nas amostras avaliadas foi obtida por meio da metodologia de Soxhlet. Para a identificação dos SNPs nas sequências do transcriptoma obtido foi utilizado o programa FASTQ (versão 0.11.8) para verificação da qualidade de sequenciamento, Trim Galore (versão 0.6.5) para remoção de adaptadores, sequências curtas e sequências com baixo *phred score*, Genome Analysis Toolkit (GATK, versão 4.1.9.0) para a chamada de SNPs e para a análise de associação com a característica deposição de gordura intramuscular foi utilizado o programa PLINK versão 1.90b6.20. Para a análise de associação pai e os dois primeiros componentes principais foram adicionados ao modelo como efeito fixo. A partir da análise de identificação de SNPs com os dados de RNA-Seq, detectou-se um total de 77.043 SNPs distribuídos nos cromossomos autossômicos e DNA mitocondrial. Desse total foram identificados 119 SNPs associados com a deposição de gordura, sendo 45 identificados com SNPs sinônimos e 3 não sinônimos. Dentre os 3 polimorfismos não sinônimos, foram identificadas as seguintes alterações de nucleotídeos: alteração de T para G (gTt/gGt), de A para T (gaA/gaT) e de C para G (cCt/cGt). Essas alterações foram classificadas como deletérias, que são decorrentes de mutações que podem causar alteração na função da proteína. Esses três polimorfismos estão no cromossomo autossômico 8, localizados em região codificante do gene *LRRC66*. Esse gene codifica

¹ Pós-graduanda - FZEA/USP, brunamartins@usp.br

² Graduanda em Ciência dos Alimentos - ESALQ/USP, juliadezen@usp.br

³ Pós-graduando - ESALQ/USP, felipeoliveirafreitas@usp.br

⁴ Pós-graduanda - FZEA/USP, simarafanalli@usp.br

⁵ Doutor - ULiège, gcmmoreira@gmail.com

uma proteína pertencente à família de proteínas de repetição rica em leucina e está envolvida em diversos processos biológicos, incluindo adesão celular e interações hormônio-receptor. O presente estudo permitiu a identificação de polimorfismos em regiões codificantes do genoma e a detecção de um marcador molecular candidato no gene *LRRC66*, que foi associado à porcentagem de gordura intramuscular de suínos da raça *Large White*. A validação do mesmo por técnica de sequenciamento está sendo realizada e o mesmo poderá ser incluído em novos estudos de associação genômica em larga escala e aplicado em programas de seleção genética animal assistida por marcadores genéticos.

PALAVRAS-CHAVE: Melhoramento genético e reprodução animal, extrato etéreo, machos imunocastrados, marcador molecular, polimorfismo