

Identificação de marcadores genéticos associados a características de interesse na raça bovina Garvonesa

2024

Identificação de marcadores genéticos associados a características de interesse na raça bovina Garvonesa

Universidade de Évora, Departamento de Zootecnia

Membros da Equipa:

Andreia Amaral (investigadora responsável)

andreia.fonseca@uevora.pt



Fábio Teixeira

fabio.teixeira@uevora.pt

Universidade de Lisboa, Faculdade de Medicina Veterinária

Luís Telo da Gama

ltgama@fmv.ulisboa.pt



Carlos Bettencourt

CEBA - Herdade da Abobada

7830 Vila Nova de São Bento

PORTUGAL

Tel: (+351) 284549393

cmvb.abobada@drapal.min-agricultura.pt



Ana Rita Simões

Associação de Agricultores do Campo Branco

Av. Bombeiros Voluntários, nº13

7780-122 Castro Verde

PORTUGAL

Tel: 286 327293 fax: 286 328583

aacampobranco@sapo.pt



Identificação de marcadores genéticos associados a características de interesse na raça bovina Garvonesa

Introdução

Foi efetuada a caracterização genética de uma amostra de animais da raça Garvonesa por análise de marcadores genéticos no âmbito do projeto SUMO. Esta avaliação teve como objetivo identificar marcadores polimórficos e associados a características de interesse na raça e que poderão ser utilizados para melhoramento animal no futuro.

Métodos

Em 2024, foi realizada a colheita de sangue de um total de 113 fêmeas e 15 machos da raça Garvonesa, totalizando 128 animais, utilizando o SNP chip BOV770V01. Com o mesmo chip, foram também genotipados mais 90 animais em 2025. Adicionalmente, com o SNP chip BOVG100V1, foram genotipados mais 216 animais.

A filtragem dos dados genotípicos foi realizada utilizando o software PLINK v1.90, aplicando os seguintes critérios para a seleção dos marcadores para análises posteriores: a) taxa de sucesso de genotipagem por amostra igual ou superior a 90%; b) taxa de sucesso de genotipagem por SNP igual ou superior a 90%; c) SNPs em equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Utilizando o mesmo software, foi efetuado um teste de associação para a identificação de loci de características quantitativas (Quantitative Trait Loci, QTL), com um nível de significância de 95%, aplicando-se a correção de Bonferroni para testes múltiplos (multiple testing).

Foram obtidos da base de dados GenPro dados fenotípicos relativos à “idade ao primeiro parto”. Para os animais genotipados, foram estimados valores genéticos utilizando modelos lineares mistos, assim como os coeficientes de herdabilidade (h^2). A fração da variabilidade fenotípica não explicada pelos marcadores genéticos (c^2) foi estimada em 0,10.

Os valores genéticos foram utilizados para a estimativa dos valores genéticos deregressed, que serviram como base para o teste de associação genética.

Resultados

Dos animais genotipados, 424 passaram os critérios de qualidade aplicados, estando distribuídos por diferentes explorações (Tabela 1), dos quais 394 são fêmeas e 28 machos.

Relativamente aos marcadores genéticos, foram validados 72 117 SNPs como comuns em todos os datasets e que foram utilizados na análise de associação genómica.

Com base na variabilidade observada para cada SNP, foi testada a sua correlação com a variabilidade dos valores genéticos “*deregressed*”. Foram identificadas associações significativas (valor de p corrigido por Bonferroni $< 1 \times 10^{-25}$) para a idade ao primeiro parto (Tabela 2). Destacam-se, entre estas, as associações localizadas no cromossoma 6 (Figura 1; Tabela 3), que apresentam potencial de aplicação futura em programas de seleção.

Tabela 1- Distribuição das amostras por localização

Codigo da Exploração	Número de animais
PTWL50N	17
PTWM0AA	14
PTWS95G_SVGB	41
PTWT09A_HA	84
PTWT70M	26
PTWV14D	11
PTWV18A_MPSS	21
PTWV52H_FO	35
PTWV92F_TSS	82
PTWW3AT	16
PTWY1AB	18
PTWY23L	5
PTWY35K	11
PTWY50J	21
PTXA35B	20
Total Geral	422

Tabela 2- Fenótipo analisado e respetiva estimativa de heritabilidade

Fenótipo	Número total de registos	h^2
Idade ao primeiro parto	424	0.10

Tabela 3 – Sumário de SNPs com associação significativa a idade ao primeiro parto.

Cromossoma	Número de SNPs
1	1
3	4
4	1
6	7
12	4
13	2
14	1
16	2
17	1
18	2
19	1
24	1
27	1
29	3

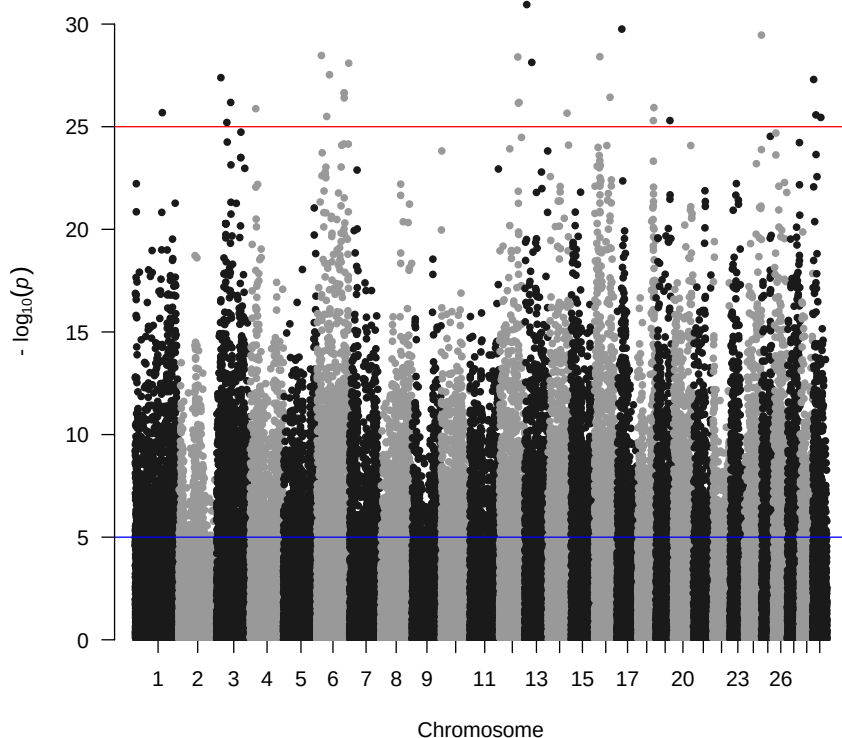


Figura 1 – Distribuição ao longo do cromossoma dos valores do teste de associação para cada SNP para o fenótipo peso aos 7 meses (efeito maternal). As linhas a azul e a vermelho representam o limite de significância do teste estatístico de associação.

Considerações Finais

O estudo desenvolvido demonstrou que a utilização de um painel de elevada densidade de SNPs na raça Garvonesa permite identificar marcadores associados a características de interesse produtivo. No total, foram identificados 31 marcadores significativamente associados a uma característica fenotípica — a idade ao primeiro parto — que deverão ser investigados futuramente, tanto para avaliar o seu potencial de aplicação na seleção da raça, como para compreender o papel biológico desses alelos na regulação desta característica no contexto do genoma bovino. Como perspectivas futuras pretende-se melhorar este resultado, desenvolvendo a imputação dos dados obtidos com o chip de média densidade (GGP100K) para 700K utilizando os dados de referência gerados em anos anteriores.