



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
FACULDADE DE VETERINÁRIA
DEPARTAMENTO DE CLÍNICAS VETERINÁRIA
NÚCLEO DE PESQUISA, ENSINO E EXTENSÃO EM PECUÁRIA
www.ufpel.edu.br/nupeec



Identificação de vacas com mastite subclínica por genotipagem de polimorfismos de nucleotídeo único em tanque de leite

Apresentadores: Joao Alvarado e Thaís Casarin

Contatos: joaoal13@hotmail.com; thais_casarin@hotmail.com

Orientação: Joao Alvarado Rincón

Data: 12 de setembro de 2014

Local: Faculdade de Veterinária – UFPel

Horário: 12h: 30min

A mastite bovina é a doença que causa maiores prejuízos econômicos à produção leiteira. Caracteriza-se pela inflamação da glândula mamária e pode ser classificada como clínica (sinais evidentes) ou subclínica (sem alterações macroscópicas). O objetivo deste estudo foi descrever um novo método de identificação de animais com mastite subclínica a partir de uma única amostra de leite do tanque. Este método tem origem na percepção de que é possível determinar a proporção genômica (DNA e, portanto, as células somáticas) contribuída por cada vaca ao DNA presente no leite do tanque, confrontando os genótipos de vacas individuais com as proporções genômicas (polimorfismos de nucleotídeo único, SNPs) no leite do tanque. Este estudo foi realizado em duas etapas, na primeira, foram simulados dados de fazendas com 25, 100 e 500 vacas e uma produção média de leite de 30L/dia. Após, foi simulada a contagem de células somáticas (CCS) no tanque e confrontadas com 3 matrizes de SNPs de diferentes capacidades, 700.000 SNPs (700K), 50.000 SNPs (50K) e 3.000 SNPs (3K) respectivamente. Isto com o intuito de exemplificar a eficiência do método. Já na segunda etapa, coletou-se uma amostra do tanque que continha o leite de 21 vacas previamente genotipadas. Após, a amostra do leite foi genotipada através de chips de alta (700K), média (50K) e baixa (3K) capacidade de detecção de SNPs e, criada uma matriz de SNPs por animal. Finalmente, foram comparados os genótipos de vacas individualmente com a maior proporção genômica na amostra coletada do tanque, detectando os animais que contribuíram com maior quantidade de células somáticas (DNA) ao tanque, e, desta maneira identificar animais com mastite subclínica. Os resultados dos dados simulados apresentaram maior correlação ($R^2 > 0,98$) do que os resultados reais ($R^2 = 0,60$), ainda assim,

evidencia-se a eficiência do método em identificar vacas com mastite subclínica. Para cerca de 80% das vacas, os valores foram significativos ($P \leq 0.0001$) para os três chips. Sendo assim, a genotipagem da amostra de leite do tanque pode ser eficaz para o monitoramento e controle de vacas com mastite subclínica.

Palavras-chaves: Genotipagem, Mastite Subclínica, Leite.

Referência Bibliográfica: BLARD, G. et al, Identifying cows with subclinical mastitis by bulk single nucleotide polymorphism genotyping of tank milk. *Journal of Dairy Science*. v. 95. p. 4109–4113. 2012.