



XVI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Piracicaba, SP – 04 e 05 de agosto de 2025

Identificação de genes candidatos para período de gestação como característica do feto na raça Holandesa

Caroline Pereira de Abreu^{*1}, Cláudio Nápolis Costa², Alessandra Alves da Silva¹, Daniele Botelho Diniz Marques¹, Júlio Gil Vale Carvalheira³, Renata Veroneze¹, Paulo Sávio Lopes¹, Delvan Alves da Silva¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Viçosa/MG, Brasil; ²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora/MG;

³Universidade do Porto, Porto/PT.

*Autor correspondente – caroline.p.abreu@ufv.br

Efeitos maternos e fetais contribuem para o período de gestação (PG) em fêmeas das raças bovinas leiteiras. Alguns estudos reportaram que os principais fatores que determinam essa característica estão mais relacionados ao feto do que à vaca. Estudos de associação genômica ampla (GWAS) tem se destacado como ferramentas eficientes para identificar genes associados a característica de interesse econômico. O objetivo com este trabalho foi identificar e compreender regiões do genoma associados ao PG como característica do feto na raça Holandesa no Brasil. Foram utilizados 339.510 registros de PG que incluíram 854 touros genotipados e 638.176 animais no pedigree. Os genótipos foram imputados para o chip 50Kv2 usando o programa Fimpute 3.0. No controle de qualidade considerou-se call-rate de 95% para os SNPs, frequência alélica (MAF) 0,02 e equilíbrio de Hardy-Weinberg com χ^2 de 10^{-6} . Os SNPs com posições desconhecidas ou localizados nos cromossomos sexuais não foram excluídos das análises. O modelo estatístico incluiu os efeitos aleatórios de grupo de contemporâneos, genéticos aditivos direto do feto, materno, paterno, ambiental permanente da vaca e ambiental permanente paterno. As análises foram realizadas com os programas da família BLUPf90. O efeito dos SNPs foi estimado utilizando o software postGSf90 e os resultados foram reportados como P-valor. A correção de Bonferroni foi aplicada para definir o limiar de significância em todo o genoma, correspondendo a um *valor p* de 0,05/número de marcadores (5,8531). Foram identificados quatro SNPs como marcadores significativos localizados no BTA 3, 9, 16 e 24. Entre os genes candidatos, destacam-se *HSD11B1* e *MIR205*, localizados no BTA 16. O gene *HSD11B1* codifica uma enzima crucial na conversão de cortisona em cortisol. No final da gestação, o aumento da secreção de cortisol fetal estimula a conversão de progesterona em estrogênio na placenta, promove a liberação de prostaglandinas que induzem as contrações uterinas e o início do parto, indicando que o feto desempenha papel central na determinação do momento do parto. Por sua vez, o *MIR205* é um microRNA que regula a expressão gênica pós-transcricional, influencia processos celulares como proliferação e diferenciação, e tem sido estudado como possível marcador para a detecção de prenhez precoce em bovinos. A identificação de SNPs significativos e genes funcionalmente relevantes amplia o conhecimento sobre a arquitetura genética do PG, contribuindo com o desenvolvimento de estratégias de seleção genômica mais acuradas e orientadas para a melhoria da eficiência reprodutiva em bovinos.

Palavras-chave: Facilidade de parto, genes, modelo animal.

Agradecimentos: Ao CNPq e à FAPEMIG pelo financiamento da pesquisa e à Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (ABCBRH) e Embrapa Gado de Leite pela disponibilização dos dados.