



XVI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Piracicaba, SP - 04 e 05 de agosto de 2025

Identificação de genes e QTLs associados com período de gestação na raça Holandesa

Ana Carolina Rodrigues Oliveira^{*1}, Caroline Pereira de Abreu¹, 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 – ana.oliveira12@ufv.br

A inclusão de características reprodutivas tais como o período da gestação (PG) nos sistemas de avaliação genética pode contribuir para a melhoria da eficiência dos rebanhos e evitar perdas significativas por natimortos e abortos. Os estudos de associação genômica ampla (GWAS) tem se destacado como uma ferramenta eficiente para compreender os genes que influenciam as características de interesse econômico. Portanto, o objetivo deste trabalho foi identificar regiões do genoma associadas ao PG em vacas da raça Holandesa no Brasil. Foram utilizados 339.510 registros de PG, que incluíram informações genotípicas de 854 touros, em um pedigree com 638.176 animais. Os dados foram fornecidos pela Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (ABCBRH) juntamente com a Embrapa Gado de Leite. Os genótipos foram imputados para o chip 50Kv2 usando o programa Fimpute 3.0. Para o controle de qualidade foram considerados call-rate para os SNPs de 95%, frequência alélica (MAF) de 0,02 e equilíbrio de Hardy-Weinberg com χ^2 de 10^{-6} . SNPs sem localização genômica conhecida ou localizados nos cromossomos sexuais foram excluídos das análises. O modelo estatístico incluiu os efeitos aleatórios de grupo contemporâneo, genético aditivo direto da vaca e de ambiente permanente do touro de serviço. As estimativas foram obtidas por meio dos programas da família BLUPf90. Após o ajuste do modelo, os efeitos dos SNPs foram estimados utilizando o programa postGSf90 e os resultados expressos em termos de P-valor. Nenhum SNP foi significativamente associado ao PG, após a correção de Bonferroni, para um limite de $p \leq 3,00$. O banco de dados *cattle QTLdb* foi examinado para verificar se alguma região genômica associada foi relatada anteriormente como um *locus* de característica quantitativa (QTL). Três SNPs localizados no BTA 6, 14 e 27 foram identificados como marcadores relevantes. No cromossomo 6, mesmo sem genes anotados na região de interesse, foram identificados QTLs relacionados à facilidade de parto, placenta retida e comportamento materno, sugerindo um possível envolvimento dessas regiões no controle do término da gestação. O gene *MATN2*, no cromossomo 14, tem como função codificar a proteína matriline-2, componente da matriz extracelular que desempenha um papel essencial na remodelação da placenta e no ambiente uterino. No cromossomo 27, foram identificados QTLs relacionados à qualidade do sêmen, além da presença do gene *SFRP1*, envolvido na via de sinalização Wnt, possivelmente associado à espermatogênese. Esses achados podem estar relacionados às características seminais dos touros, as quais influenciam eventos reprodutivos, e consequentemente, a duração da gestação. As regiões genômicas identificadas e associadas à duração da gestação podem contribuir e elucidar mecanismos relacionados ao processo de estabelecimento da gestação e sugerir estratégias que visam a melhoria da eficiência reprodutiva em vacas da raça Holandesa.

Palavras-chave: genômica, locus, touro.

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.