

USO DE FERRAMENTAS GENÔMICAS PARA SELEÇÃO DE VACAS COM MAIOR RESISTÊNCIA À MASTITE

LARISSA CARNEIRO NEVES

Palavras Chaves: Avaliação genética; Herdabilidade; Índice de seleção; Marcadores moleculares; Melhoramento animal.

A mastite bovina representa um dos principais entraves sanitários da bovinocultura leiteira, estando associada à redução da produção, aumento da contagem de células somáticas (CCS), alterações na composição do leite e prejuízos econômicos. A inflamação da glândula mamária compromete a integridade do epitélio secretor, altera a concentração de proteínas e lipídios e promove modificações físico-químicas que impactam a qualidade tecnológica da matéria-prima. Nesse contexto, estratégias preventivas baseadas no melhoramento genético vêm sendo incorporadas aos sistemas de produção como ferramenta complementar às práticas de manejo e controle sanitário. O desenvolvimento de tecnologias genômicas, como a genotipagem por marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (SNPs), permitiu a identificação de regiões genômicas associadas à resistência à mastite. Destaca-se ainda que genes envolvidos na resposta imune inata, reconhecimento de patógenos, regulação da inflamação e integridade tecidual têm sido adicionados a modelos de avaliação genética. A seleção genômica ampla possibilita a estimativa de valores genéticos com maior precisão ainda nas fases iniciais da vida produtiva, reduzindo o intervalo de gerações e acelerando o progresso genético do rebanho. Ademais, a inclusão de características indicadoras, como CCS, ocorrência de mastite clínica e subclínica e parâmetros imunológicos, em índices de seleção contribui para o direcionamento de acasalamentos mais estratégicos. Nesse sentido, tendo em vista que a resistência à mastite possui herdabilidade moderada, sua inclusão contínua nos programas de melhoramento possibilita progresso genético gradual e acumulativo ao longo das gerações. Além da redução na incidência da enfermidade, a seleção de animais geneticamente mais resistentes favorece menor necessidade de intervenções terapêuticas, redução do uso de antimicrobianos e melhoria contínua da qualidade do leite produzido. Adicionalmente, a integração de dados fenotípicos, genômicos e produtivos em avaliações genéticas unificadas aumenta a acurácia das estimativas e permite decisões mais eficientes na formação de rebanhos com perfil sanitário superior. Dessa forma, a aplicação de ferramentas genômicas aos programas de melhoramento animal é um meio para promover sustentabilidade produtiva, sanidade do rebanho e maior competitividade na cadeia leiteira.

Referências Bibliográficas:

AGUILAR, M. D. et al. Genome-wide association study for milk somatic cell score in Holstein cattle using copy number variation as markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 134, n. 1, p. 49-59, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1111/jbg.12238> .

CAI, Z. et al. Meta-analysis of six dairy cattle breeds reveals biologically relevant candidate genes for mastitis resistance. *Genetics, Selection, Evolution*, v. 56, Art. 54, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-024-00920-8> .

MEREDITH, B. K. et al. A genome-wide association study for somatic cell score using the Illumina high-density bovine beadchip identifies several novel QTL potentially related to mastitis susceptibility. *Frontiers in Genetics*, Art. 229, 2013. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2013.00229> .

MORETTI, R. et al. Identification of SNPs associated with somatic cell score in candidate genes in Italian Holstein Friesian bulls. *Animals (Basel)*, v. 11, n. 2, 366, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani11020366> .