

ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS AO PERÍMETRO ESCROTAL EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

Guilherme Dantas Cordeiro¹, Paulo Ricardo Vasconcelos Leite¹, Roney Teixeira², Méry Cristina de Sá Assis¹, Edimar Gabiati², Fernando Baldi³

¹ Universidade Federal Rural de Pernambuco; ² Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias; ³ Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos.

O perímetro escrotal (PE) está associado à precocidade sexual e à fertilidade dos machos, além de apresentar correlação com a fertilidade das fêmeas. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo identificar genes associados ao PE aos 365 dias (PE365) em bovinos da raça Nelore. Foram utilizados dados fenotípicos e genotípicos do Programa de Melhoramento da Raça Nelore (Programa Nelore Brasil), fornecidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (Ribeirão Preto, SP). A característica analisada foi PE365 em 46.700 animais. O pedigree incluiu 96.725 indivíduos, nascidos entre 1965 e 2022, provenientes de sete propriedades das regiões Sudeste, Centro-Oeste, Norte e Nordeste do Brasil. Foram genotipados 26.703 animais com o painel ZBN da Zoetis (70.000 marcadores do tipo *Single Nucleotide Polymorphism* - SNPs). O grupo de contemporâneo foi definido pela combinação de fazenda, ano e época de nascimento, sexo e manejo. O controle de qualidade genômico foi realizado no *software* BLUPF90+ (qcf90). A análise de associação foi conduzida pelo método de ponderado de etapa única (wssGWAS), via modelo animal nos programas BLUPF90+ e POSTGSF90. Foram considerados SNPs que explicaram mais de 0,5% da variância genética. A anotação gênica foi realizada com o pacote GALLO no *software* R (v.4.3.1) e os processos biológicos identificados no STRING (v. 12.0) e *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Foram identificados 198 genes, dentre os quais destacaram-se *GSK3B*, *FSTL1* e *CYP7A1*, localizados no cromossomo 12. O gene *GSK3B* está envolvido em vias de crescimento e diferenciação celular, podendo influenciar o desenvolvimento testicular e fertilidade. O *FSTL1* atua em vias de sinalização TGF- β relacionadas ao crescimento gonadal e ao controle hormonal. Enquanto o *CYP7A1* participa de vias metabólicas associadas à síntese hormonal, fertilidade e regulação energética. Dessa forma, os resultados fornecem suporte biológico para identificação de genes candidatos associados ao PE365 e destacam alvos promissores para a prospecção de

marcadores moleculares aplicáveis à seleção genômica, à avaliação genética e ao aprimoramento dos programas de melhoramento genético da raça Nelore.

Palavras-chave: bovinocultura de corte; GWAS; seleção genômica.

