

ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA DA IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM FÊMEAS DA RAÇA GUZERÁ

Paulo Ricardo Vasconcelos Leite¹, Guilherme Dantas Cordeiro¹; Roney Teixeira²; Fernando Baldi³.

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco; ²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias;

³Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos.

A idade ao primeiro parto (IPP) é um indicador de eficiência reprodutiva em bovinos, influenciando diretamente a produtividade dos rebanhos. Com o avanço dos programas de melhoramento genético e das ferramentas genômicas, estudos de associação genômica ampla (GWAS) permitem identificar genes ou regiões do DNA associadas às características avaliadas. Nesse contexto, o objetivo do presente estudo foi identificar genes associados à IPP em fêmeas da raça Guzerá. Foram utilizados dados fenotípicos e genotípicos do Programa de Melhoramento da Raça Guzerá, fornecidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, sediada em Ribeirão Preto - SP. A característica analisada foi IPP em 3.522 fêmeas. O pedigree incluiu 23.758 indivíduos, nascidos entre 1985 a 2019, provenientes das regiões Sudeste, Centro-Oeste e Norte do Brasil. Foram genotipados 752 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 GWAS foi conduzida pelo método ponderado de etapa única (wssGWAS), via modelo animal nos programas BLUPF90+ e POSTGSF90. Foram considerados SNPs que explicaram mais de 0,4% 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 256 genes, dentre os quais destacaram-se *PROK1*, *SENP7*, *PLA2R1*, *TSNAXIP1* e *CARMIL2*. O *PROK1* atua no desenvolvimento placentário e função ovariana. O *SENP7* está envolvido na modificação de proteínas, além da regulação gênica e estabilidade celular. O *PLA2R1* está associado à sinalização celular e a processos inflamatórios, podendo influenciar o ambiente uterino e a fertilidade. O *TSNAXIP1* atua na regulação do ácido ribonucleico (RNA), estando relacionado a processos reprodutivos e ao desenvolvimento germinativo. O *CARMIL2* participa da sinalização celular e da resposta

imune, podendo impactar na reprodução. Os genes destacados apresentam a participação de vias relacionadas à reprodução, regulação celular e resposta imune, mostrando a natureza complexa e multifatorial dessa característica. Conclui-se que, com a incorporação de informações genômicas em avaliações genéticas, é possível obter ganhos mais precisos e sustentáveis ao longo das gerações.

Palavras-chave: Melhoramento genético animal; reprodução; seleção genômica.