Pesquisa genômica pode aumentar produtividade do Nelore

Patrícia Peixoto Bayão | *Foto: Cláudio Bezerra*

Estudo realizado por pesquisadores brasileiros descobriu novas variações no genoma de animais da raça Nelore, em regiões que controlam o rendimento e a qualidade da carne bovina. A pesquisa, fruto da parceria entre o Laboratório Multiusuário de Bioinformática da Embrapa (SP), Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (DF), Embrapa Gado de Corte (MS), Universidade Estadual de Campinas (Unicamp) e Universidade do Estado do Mato Grosso (Unemat), teve início há dois anos. O trabalho foi publicado na edição de junho da revista *BMC Genomics*.

Segundo o coordenador do trabalho e pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (DF), Alexandre Caetano, o estudo gerou informações genômicas que podem aumentar a acurácia das avaliações de bovinos. O trabalho se baseou em um amplo mapeamento de regiões de duplicação genômica, conhecidas como CNVs (*Copy Number Variations*), em animais Nelore. Esses trechos apresentam possíveis relações com doenças genéticas e características de importância econômica, como a qualidade da carne. "Nosso estudo resultou em um amplo mapa de CNVs na raça, o mais extenso do mundo, e mostrou a sobreposição com regiões do genoma bovino que controlam características de importância econômica e que aparentemente estão sob seleção, deixando claro que, assim como já foi demonstrado em estudos com outras raças bovinas, a inclusão de informações de CNV nas análises de avaliação genômica no Nelore trará ganhos importantes na acurácia das análises", explica.

A pesquisa mapeou as CNVs usando, pela primeira vez, uma amostragem ampla da raça Nelore, levando à conclusão de que 64% do genoma desses bovinos apresentam regiões de variações de número de cópias.

Caetano explica que os genótipos de 700 mil marcadores moleculares de 1.700 animais – 83 touros PO e seus produtos com vacas Nelore, sob controle e avaliação de desempenho – foram analisados, resultando na detecção de aproximada-

mente 68 mil CNVs. Para comprovar os resultados, o grupo sequenciou material genético de oito genearcas (touros que foram importantes para a formação da raça no Brasil), como contraprova. "A sobreposição dos resultados obtidos comprovou a solidez das análises realizadas, uma vez que 92% das CNVs foram observados com os dois métodos", ressalta, salientando, ainda, que o trabalho utilizou duas tecnologias de ponta da área de genômica para comprovar a alta incidência de duplicações e deleções no genoma de bovinos Nelore, em regiões que afetam características de produção.

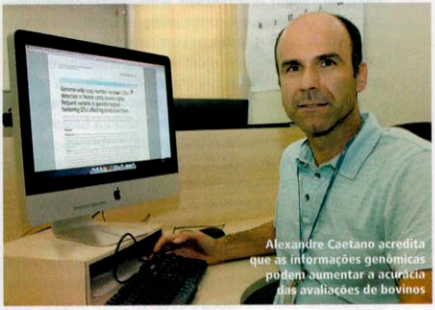
De acordo com o coordenador do estudo, o avanço das pesquisas na área de genômica e marcadores moleculares nas últimas décadas levou à observação de que muitas regiões do genoma de organismos complexos, como os humanos e animais de produção, apresentam duplicações e deleções de genes. A alta incidência dessas regiões em todo o genoma estimulou cientistas de vários países a desenvolver pesquisas para caracterizar as chamadas CNVs e, mais recentemente, detectar seu efeito sobre doenças genéticas e características fenotípicas, como altura, peso, produção de leite, entre outras.

Estudos realizados com humanos levaram à conclusão de que mais de 70% do genoma humano apresenta CNVs, ou regiões de duplicação genômica. Caetano explica que essas observações levaram a novas pesquisas para avaliar a possível correlação das CNVs com doenças genéticas e características produtivas, entre outras.

A equipe brasileira comparou também os resultados obtidos por outro grupo de cientistas no gado Holandês com as CNVs observadas no Nelore, com um método inovador e inédito na literatura científica mundial até o momento. "Os resultados obtidos identificaram regiões com CNVs que podem estar sob forte seleção nas duas raças e que possuem regiões do DNA que afetam características de produção e qualidade do leite e carne, conhecidos como QTL (*Quantitative Trait Locus)*". Um total de 47 CNVs foi observado em frequências altas, baixas ou divergentes entre as duas raças, representando assinaturas de seleção que serão avaliadas em estudos futuros, podendo levar à identificação de regiões do genoma que controlam características de importância econômica para a bovinocultura.

As conclusões do estudo mostram que, a partir das análises realizadas, é possível afirmar que as CNVs têm impacto nas características de produção dos bovinos da raça Nelore e comprovam definitivamente que a inclusão de informações de CNVs nas avaliações genômicas trarão avanços para o melhoramento genético do Nelore.

Para o pesquisador, essas informações poderão ajudar os selecionadores em sua atividade e, futuramente, contribuir em novas pesquisas científicas para identificar genes causadores de doenças genéticas ou com impacto na produtividade de carne no Nelore. "Vários estudos publicados recentemente mostram claramente que parte dos efeitos genéticos de regiões do genoma, onde existem duplicações e deleções, não pode ser contabilizado advequadamente apenas com informações de marcadores moleculares SNP (*Single Nucleotide Polimorphisms*) em análises de avaliação genômica, o que resulta em perda de acurácia nas avaliações. Ao incluir as informações de CNV na análise genômica, esse efeito pode ser estimado e considerado de forma adequada, resultando em aumento na acurácia dos resultados. Portanto, nosso estudo mostra que as CNVs devem ser incluídas nas avaliações genômicas", finaliza Caetano.



Alexandre Caetano acredita que as informações genômicas podem aumentar a acurácia das avaliações de bovinos