GENOMA NELORE

mais perto de ser decifrado

Nova pesquisa genômica gera dados inéditos e se une às atuais tecnologias para aumentar a produtividade do gado nelore

NATALIA ESCOBAR · CLAUDIO BEZERRA, EMBRAPA, DIVULGAÇÃO E UNESP

Em prol de uma pecuária mais produtiva e sustentável, pesquisadores e cientistas pensam diariamente em como desenvolver mais tecnologia para o melhoramento genético. Nos últimos 20 anos, a genômica tem sido uma das ferramentas mais promissoras, e os estudos não param. Anualmente novidades são lançadas para os criadores dispostos a investir.

"Trata-se de um dos caminhos que poderá levar a pecuária a aumentar a qualidade e produtividade de forma consistente e sustentável economicamente. Ainda há muito que se pesquisar nessa área, mas não há dúvidas de que é para essa direção que os ventos sopram", afirma o médico veterinário José Fernando Garcia, professor da Faculdade de Medicina Veterinária da Unesp de Araçatuba (SP) e pesquisador da área.

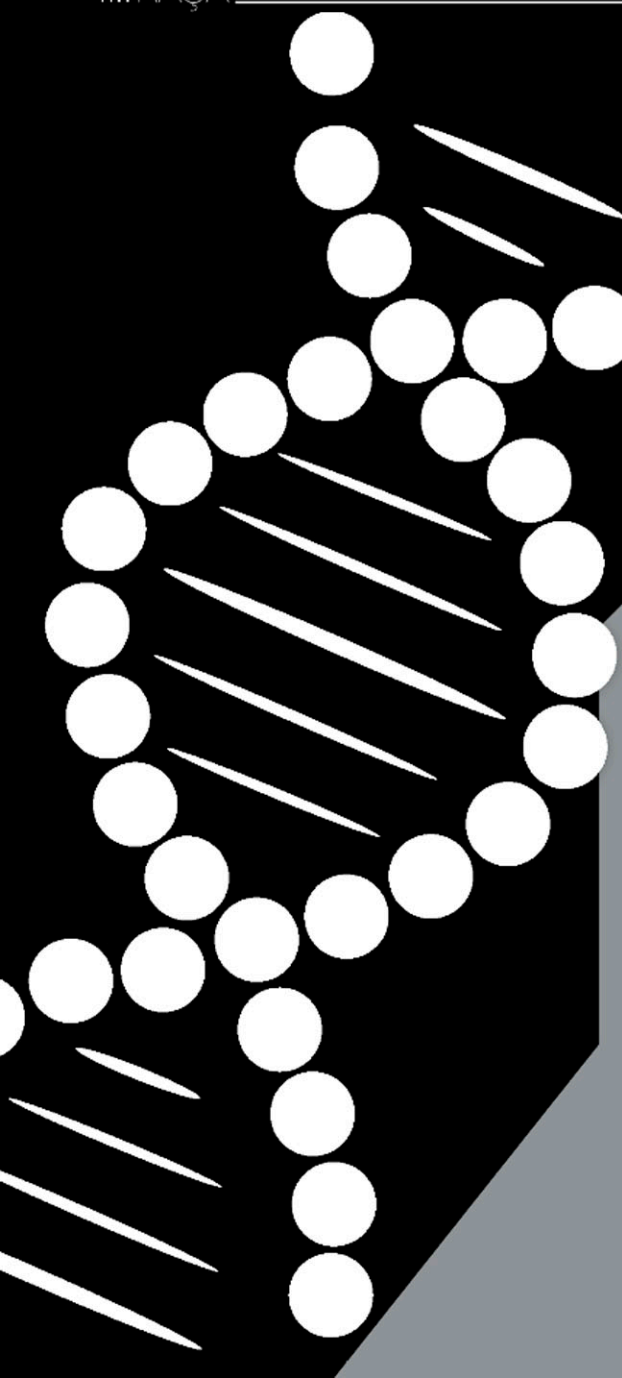
Em 2015, a Associação Nacional dos Cria-

dores e Pesquisadores (ANCP) lançou o índice DEP Genômica, calculada com informações de pedigree, progênies e desempenho próprio, e Valor Molecular Predito (MVP), da Zoetis, que avalia 17 mil marcadores genéticos (pontos de DNA) por meio de uma tecnologia que permite o mesmo nível de confiança de uma análise composta de 50 mil marcadores e possibilita avaliar 22 características. A Illumina, líder global em sequenciamento e genotipagem, produz os chips, inclui marcadores e também fornece todos os equipamentos para genotipagem e sequenciamento de DNA.

A ANCP aposta na técnica para identificar com mais confiabilidade os machos de maior potencial genético. Com o incremento das informações genômicas, a variação da DEP poderá ser menor no decorrer dos anos. A tecnologia já está sendo aplicada nos campos, e confirma com antecedência e precisão os dados dos animais ainda jovens, maximizando os ganhos genéticos. Os primeiros resultados poderão ser conferidos na próxima ExpoGenética, em Uberaba (MG), de 20 a 28 de agosto.

Inédito

Um recente estudo comandado pela Embrapa deu mais um passo em direção ao genoma decifrado. O trabalho inédito se baseou em um amplo mapeamento de regiões de duplicação genômica, conhecidas como CNVs (Copy Number Variations), em animais da raça nelore. Esses trechos apresentam possíveis relações com doenças genéticas e características de importância econômica como a qualidade da carne.



Totalmente desenvolvido por instituições públicas de pesquisa brasileiras, a pesquisa utilizou duas tecnologias de ponta da área de genômica para comprovar a alta incidência de duplicações e deleções no genoma nelore, em regiões que afetam características de produção. A pesquisa foi executada em parceria entre o Laboratório Multiusuário de Bioinformática da Embrapa Informática Agropecuária (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).

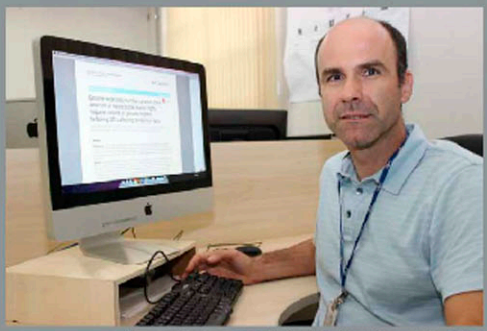
"Trata-se do mapa de CNVs mais extenso do mundo com bovinos dessa raça", comemora o coordenador do trabalho, Alexandre Caetano, pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (DF). O estudo, iniciado há cerca de dois anos, mapeou pela primeira vez as CNVs usando uma amostragem ampla da raça, levando à conclusão de que 64% do genoma desses bovinos apresentam regiões de variações de número de cópias.

O cientista conta que os genótipos de 700 mil marcadores moleculares de 1,7 mil

animais foram analisados, resultando na detecção de aproximadamente 68 mil CNVs. Para comprovar os resultados, o grupo de cientistas sequenciou material genético de oito genearcas (touros que foram importantes para a formação da raça), como contraprova. "A sobreposição dos resultados obtidos comprovou a solidez das análises realizadas, já que 92% das CNVs foram observados com os dois métodos", ressalta o pesquisador.

De acordo com Alexandre, 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.

Pesquisador da Unesp José Fernando Garcia acredita que genômica é o futuro



Alexandre Caetano, pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (DF), comandou os últimos estudos sobre o tema

Vanguarda

Estudos realizados por outros grupos demonstraram que as CNVs podem afetar características de produção e qualidade do leite na raça holandesa. "As pesquisas mostraram que a inclusão de dados de CNVs nos modelos de análise genética pode trazer ganhos de acurácia nas avaliações genômicas e, portanto, impactar as taxas de ganho no melhoramento genético", afirma Alexandre.

A equipe brasileira comparou os resultados obtidos 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 foram observados 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