

Genoma: a grande virada na genética em bovinos leiteiros

[Altair Antonio Valloto](#)

Presidente do Conselho Deliberativo Técnico da Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa

No período de 09 a 13 de Março do corrente ano, o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos juntamente com a CRI Genética, promoveram nos Estados Unidos, Convenção sobre as Avaliações Genômicas para Raças Leiteiras, onde estiveram presentes delegações de vários países, como Brasil, Polônia, Rússia, Turquia e Ucrânia. No Programa muitas novidades foram apresentadas, às quais gostaria de compartilhar com os criadores e profissionais que trabalham com pecuária leiteira e repassar os conhecimentos adquiridos na viagem, relatando abaixo.

Antigamente os criadores e as empresas de Inseminação Artificial, selecionavam os touros jovens que iriam ser coletado sêmen para os testes de progênie através dos dados de produção e conformação dos pais, avós, bisavós, utilizando os pedigrees dos animais como premissa para seleção dos mesmos, isso não faz muito tempo (1926-1961). Depois, vieram outros métodos de seleção destes tourinhos até chegarmos ao Modelo Animal (1989) e Mérito Nato, Vida Produtiva e Escore de Células Somáticas (1994 - Método BLUP). Em janeiro de 2009, uma nova ferramenta apresentada vem contribuir em muito para a tecnologia genética, o leitor GENOMICO, este leitor ou "chip" (Illumina Bovine SNP50 Beadchip) avalia aproximadamente 54.000 nucleotídeos individuais espalhados por todo o genoma dos bovinos leiteiros.

Com esta nova tecnologia de conhecimento do mapeamento genético dos animais, iremos diminuir o intervalo entre gerações e podemos selecionar mais touros jovens com muito mais confiança e rapidez, porque as informações disponíveis com a seleção genômica combinam pedigrees, além da tradicional avaliação genética com as informações dos marcadores, que é caso dos touros jovens que são adquiridos pelas empresas de inseminação artificial. A confiabilidade dos touros jovens para as PTA (Habilidades Prováveis de Transmissão) que é em média 36%, em comparação quando se inclui as informações do genoma passa a ser de 50 a 76%. Isso possibilitará que as empresas de Inseminação Artificial possam escolher com maior precisão os touros jovens que irão ser testados. Muitos acreditam que esta mudança terá o maior impacto no melhoramento genético desde a implantação do sêmen congelado. Para determinar se os dados genômicos poderiam ser utilizados com confiabilidade, mais de 10.000 touros holandeses nascidos antes e após de 1999 foram genotipados, trabalho este, desenvolvido por um grupo de cooperativas e centrais associadas à Associação Nacional de Criadores de Animais (NAAB) e analisados pelo Laboratório de Programas de Melhoramento Animal (USDA-AIPL).

O que é o GENOMA?

É toda informação hereditária de um organismo que está contida em seu DNA. Antigamente só uma parte ou seção do Mapa Genético dos Bovinos era identificada, hoje sua avaliação é praticamente total, através de um "Chip", que foi desenvolvido em colaboração com cientistas da Illumina Inc., Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), Universidades do Missouri e Alberta.

Foram identificados 54.000 marcadores, sendo que destes, 38.000 são úteis nas avaliações, são os chamados SNPs (polimorfismo de nucleotídeos simples). O nome do chip é Illumina Bovine SNP50 BeadChip e custa \$ 250,00 dólares. Hoje nos Estados Unidos tem-se mais de 23.000 animais genotipados. O material a ser enviado ao laboratório para leitura da sequência genética é: pêlo, sangue ou sêmen. Para se ter idéia, o investimento para no mapeamento genético da espécie Humana foram mais de três bilhões de dólares, para os bovinos 53 milhões de dólares. As avaliações genômicas foram calculadas para 27 características, sendo: 05 de produção, 05 de saúde, 16 de conformação e 01 para o Mérito Líquido Vitalício.

Explicando: Dentro dos núcleos das células temos 30 pares de cromossomos, vindo do pai e mãe, cada cromossomo é um filamento longo (na espécie humana mais de 2 metros) formado pelo DNA, molécula linear comprida composta por proteínas (nucleotídeos) que se repetem milhões de vezes formando esta cadeia linear (DNA). As porções do DNA são os genes que contêm as informações para fabricar as proteínas requeridas pelo organismo - Nucleotídeos (Gs, Cs, As e Ts), que contribuem com mais três bilhões de "bases" nucleotídeos (pares) para formar as proteínas. As Proteínas são "tijolos" da vida, que irão determinar o fenótipo dos animais (Produção Leite, Gordura, Largura de úbere, posição dos tetos etc.), ou seja, como serão fisicamente os nossos animais. A variação desta sequência (código) em determinados locais é responsável por instruções ou diferenças entre nós. Sempre que ocorre uma troca na sequência dos nucleotídeos, são chamadas de polimorfismo de nucleotídeos simples (SNP= Single Nucleotide Polymorphisms). Estes SNPs são utilizados para prever geneticamente como será o desempenho deste animal ou para desenvolver sua prova genética. Por exemplo, se o "G" em um local específico na sequência de um touro DGAT1 no gene (Localizado no cromossomo 14) se no lugar tiver um "A" esta modificação na sequência chamada de SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) ou chips, estará associado com um aumento de aproximadamente 0,15% de gordura e um decréscimo de 300 libras de leite nas filhas destes touros.

A seleção Genômica está disponível nas provas de Janeiro de 2009 e muitos animais já possuem sua avaliação Genômica, ou seja, os criadores saberão se e touro foi provado genomicamente quando tiver um "G" onde é para estar o número de filhas e número de rebanhos. E nos pedigrees dos animais virão acompanhados da letra "G" nas avaliações. Por exemplo: GPTAM, GPTAT etc.

O Mapeamento genético, além de nos mostrar se um animal é "Bom" ou "Ruim" para determinada característica, nos ajuda a selecionar animais superiores para programas de Transferência de Embrião, Fertilização In Vitro e os mais férteis candidatos ao uso de sêmen sexado. Auxilia também, a identificar animais que são portadores de genes recessivos indesejáveis, diminui em 50 a 70% de erros na seleção dos melhores animais, faz teste de paternidade, adiciona valor na comercialização (leilões) e auxilia nos acasalamentos.

É claro que com o preço de \$ 250,00 dólares, ainda é inviável esta avaliação, mas os chips de baixa densidade como são chamados já estão à disposição e cada vez mais acessível aos produtores.

Ganhos em Repetibilidade com o Mapeamento Genético.			
Características	Tradicional PA % Repetibilidade	Genonica PA% Repetibilidade	Ganhos Raça Holandesa
Mérito Líquido Vitalício	37%	58%	21
Leite	39%	63%	24
Gordura %	42%	87%	45
Vida Produtiva	32%	56%	24
Taxa de Concepção do Touro	31%	46%	15
PTA Tipo (Conformação)	40%	60%	20

USDA-AIPL

GRADO: Termos mais comum no Genoma:

Genoma ou conjunto de genes é comparado com um livro, na qual estão escritas todas as instruções que guiam a formação do indivíduo e são transmitidas aos seus descendentes.

CAPÍTULO deste livro são os cromossomos, no caso dos bovinos são 60 que por sua vez dividi-se em 30 pares semelhantes, herdados do pai e da mãe. Os Capítulos são organizados em parágrafos que corresponde aos genes (50 mil). A maioria dos parágrafos dá a receita para a produção das proteínas, os "tijolos" fundamentais que constroem os seres vivos. Os parágrafos têm as palavras formadas pelos nucleotídeos emparelhados que são "A" adenosina, "T" "timina," C "citosina, "G" guanina.

Referências Bibliográficas:

1. Wilson, Roy. , O Salto do Genoma, Revista Horizontes, p.6-7; Agosto 2008.
2. Caspers, Jean. , Genomic predicted transmitting ability called revolutionary. Agri News 24 Fev.- 2009;
3. Cassell, Benn et. , Hoard' Dairyman, p.538-539, Set .-2008.
4. VanRaden, Paul,. Wiggans, George..Cornnell JeffG' , Cole, John,. Distribution and Location of Genetic Effects For Dairy Traits ,GENOMICS Emerging Markets Program (EMP), Washington D.C EUA; Conferencia 9 - 13 Mar.2009.
5. Wiggans, C.R,. How the genomic evalution program works GENOMICS Emerging Markets Program (EMP)), Washington D.C EUA; Conferencia 9 - 13 Mar.2009.
6. Coburn, Angie,. Unsderstangin Genomics GENOMICS Emerging Martes Program, Washington D.C EUA; Conferencia 9 - 13 Mar.2009.