

Ferramenta genética

Identificados marcadores moleculares de carne macia em gado nelore

EVANILDO DA SILVEIRA



Em breve não será mais necessário esperar o bife na mesa para saber se a carne é macia. Por meio de exames biotecnológicos com o uso de sangue, pelos e até com amostras do sêmen será possível prever se determinado animal da raça nelore, ainda bezerro de poucos meses, terá ou não uma carne tenra. A nova tecnologia usa marcadores moleculares, variações na sequência de DNA que permitem diferenciar os indivíduos de uma espécie, para identificar os animais com predisposição genética para ter a carne mais macia. Desenvolvido por uma rede coordenada por pesquisadores da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), unidade Pecuária Sudeste, em São Carlos, no interior paulista, e da Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), o trabalho resultou num pedido de patente internacional para o método de identificação de animais com esse potencial de qualidade. O nelore é responsável por cerca de 60% do rebanho nacional, que somou no final de 2009, segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), 205 milhões de bovinos. O Brasil é o segundo rebanho mundial, atrás da Índia, e o segundo produtor de carne, logo depois dos Estados Unidos, com 6,6 milhões de toneladas produzidas em 2009. Desse total 14% foram exportados

Gado canchim:
genes
relacionados
à espessura
da gordura



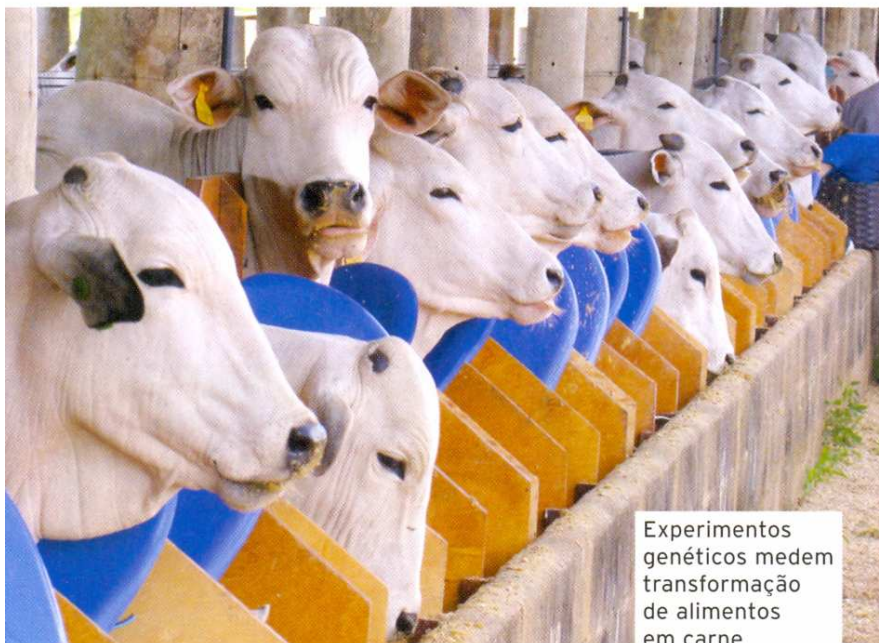
e, segundo o Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior, nos primeiros 10 meses de 2010, a exportação, apenas para a Europa rendeu US\$ 548 milhões.

Os importantes resultados para a pecuária nacional em relação aos marcadores moleculares do nelore é consequência de um estudo anterior realizado pela mesma Embrapa Pecuária Sudeste com a raça canchim, que possui cerca de 90 mil animais registrados e tem importância principalmente no cruzamento com outras raças para a produção de carne. “Vínhamos trabalhando, desde 1998, no desenvolvimento de marcadores moleculares para auxiliar a seleção nessa raça”, explica a pesquisadora Luciana Correia de Almeida Regitano, líder dos dois projetos. “Hávamos encontrado marcadores para peso dos animais em diferentes idades, mas só a partir de 2003 conseguimos coletar informações sobre a espessura de gordura subcutânea (EGS), característica importante para um melhor desempenho econômico da raça porque ajuda a proteger a carne durante o armazenamento sob refrigeração.”

A escolha do canchim é uma evolução natural dos estudos realizados em São Carlos. Foi lá que essa raça nasceu, desenvolvida a partir da década de 1940 na antiga Fazenda de Criação do Ministério da Agricultura, onde está instalada a Embrapa Pecuária

Sudeste. A raça canchim é formada por 5/8 de sangue charolês, de origem francesa, e 3/8 de gado zebuino, como nelore e indubrasil. O objetivo dessa composição foi reunir em uma raça as qualidades das outras duas, como a rusticidade e a capacidade de adaptação às condições tropicais do Brasil que os zebus (*Bos taurus indicus*), gado de origem indiana, possuem, e a produtividade e a carne macia do gado europeu (*Bos taurus taurus*), como o charolês. Assim, pesquisadores dessa unidade da Embrapa sempre mantiveram estreito relacionamento com o programa de melhoramento e com as associações de criadores da raça. Luciana explica que marcadores moleculares são variações na sequência de bases do DNA, que ocorrem naturalmente entre os indivíduos de uma espécie e são passados de pai para filho. “Nem sempre, no entanto, essas variações produzem diferenças visíveis entre os indivíduos, mas podem ser usadas como se fossem ‘placas de sinalização’ em uma rodovia, ajudando a localizar regiões do genoma que produzem essas diferenças. No nosso caso, estamos interessados em localizar os genes que contribuem para as diferenças na produção e qualidade da carne de bovinos criados em condições tropicais.”

Nas pesquisas com o gado canchim, durante o trabalho de doutorado da aluna Gisele



Experimentos genéticos medem transformação de alimentos em carne

Batista Veneroni, da UFSCar, orientado por Luciana e apoiado pela FAPESP entre 2007 e 2010, foram estudados alguns genes que poderiam ter relação com a capacidade de o animal produzir e armazenar gordura corporal. Para um desses genes, o fator de diferenciação celular DDEF1 – uma proteína com a função de transmitir sinais para a célula e que está envolvida no processo de diferenciação –, havia relatos na literatura de que em camundongos e humanos ele transformava fibroblastos (célula do tecido conjuntivo) em adipócitos, células que armazenam gordura nos animais. Mas não havia estudos com bovinos.

Olho na gordura - Luciana conta que o grupo resolveu, então, procurar variações nesse gene DDEF1, também conhecido como Arf-GAP ou Asap1, localizado no cromossomo 14 de bovinos e que produz a proteína do mesmo nome (DDEF1), para depois relacioná-las com a quantidade de gordura subcutânea no canchim. Ela explica que para identificar as associações entre os marcadores e as características de interesse é necessário ter informações fenotípicas, como, por exemplo, espessura de gordura, área do olho do lombo – seção do músculo traseiro correspondente ao contrafilé – e maciez da carne de um grande número de animais. Conhecida como AOL, a área do olho do

OS PROJETOS

1. *Marcadores moleculares aplicados ao programa de melhoramento de bovinos da raça canchim - nº 2001/10036-5*
2. *Associação de SNPs em genes candidatos e de regiões cromossômicas com espessura de gordura subcutânea em bovinos da raça canchim - nº 2006/06237-9*
3. *Prospecção e validação de SNPs em genes candidatos para maciez de carne em famílias de referência da raça nelore - nº 2010/06515-4*

MODALIDADE

1. Auxílio Regular a Projeto de Pesquisa
- 2 e 3. Bolsa de Doutorado

COORDENADORA / ORIENTADORA

Luciana Correia de Almeida
Regitano - Embrapa

BOLSISTAS

1. Gisele Batista Veneroni - UFSCar
2. Polyana Cristine Tizioto - UFSCar

INVESTIMENTO

1. R\$ 17.641,35 e US\$ 6.029,00 (FAPESP)
2. R\$ 99.864,96 (FAPESP)
3. R\$ 111.318,48 (FAPESP)

lombo é usada como uma medida que tem relação com a produção de carne do animal. Quanto mais musculoso, mais ele terá carne em relação aos ossos e à gordura, por exemplo.

No caso do canchim, foram estudados 750 animais de diversas propriedades. Os pesquisadores submetem os dados a modelos matemáticos que permitem incluir os efeitos ambientais e genéticos relacionados às características de produção. “Nesses modelos incluímos o efeito do marcador molecular”, explica Luciana. “Com o avanço das metodologias de análise de marcadores, em breve poderemos incluir nesses modelos os efeitos de um grande número de marcadores, cobrindo todo o genoma, o que permitirá prever um valor genômico para cada animal.” Esse valor indicaria com maior precisão qual o peso e a influência dos genes nas características do animal. A outra influência vem do ambiente. De acordo com ela, o mapeamento do genoma bovino – resultado do trabalho de um consórcio de 300 pesquisadores de 25 países, inclusive o Brasil, que durou seis anos e foi concluído em abril de 2009 – foi uma etapa importante no desenvolvimento do marcador para características de qualidade da carne, porque forneceu informação sobre a sequência e localização do gene DDEF1 nos bovinos. “Essa informação era essencial para iniciarmos os nossos estudos”, diz Luciana. O projeto de Gisele deu origem ao primeiro depósito de patente. No caso, um método e um *kit* para identificação precoce de deposição de gordura em bovinos, para uso da variação na sequência do gene DDEF1 como indicador de potencial genético na deposição de gordura da raça canchim. Participaram desse projeto, além de Gisele, do Programa de Pós-graduação em Genética e Evolução da UFSCar, pesquisadores da Embrapa Pecuária Sudeste e da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, de Botucatu, da Universidade Estadual Paulista (Unesp).

Em 2007 o grupo deu início a outro projeto, a formação de uma rede de pesquisa para estudos genéticos relacionados à produção de carne ou Rede Bifequali. Ela é composta por seis unidades da Embrapa pelas universidades de São Paulo, por meio da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq), Unesp de Jaboticabal, Estadual

de Campinas, e Estadual de Santa Cruz, em Ilhéus, na Bahia, além do Instituto de Zootecnia do Estado de São Paulo. Nessa rede, os pesquisadores avaliam, entre outras características, a variabilidade genética de animais da raça nelore para atributos como a qualidade e a eficiência na transformação de alimentos em carne, além do temperamento deles. Para isso, eles estão criando, confinando e abatendo cerca de 250 machos por ano, durante três anos.

Acerto na variação - O primeiro abate foi feito em 2009, quando os pesquisadores investigaram a relação entre a variação na sequência do gene DDEF1 e diversas características de produção avaliadas no projeto. Eles não encontraram no nelore associação com a quantidade de gordura, mas descobriram uma ligação com a variação no peso do animal aos 18 meses, na área do olho do lombo. O mais surpreendente, segundo Luciana, foi que os estudos também revelaram uma associação com a maciez da carne, uma das qualidades mais importantes para a aceitação do produto, principalmente no mercado externo. “O interessante é que a variante associada à maior área do olho do lombo também está associada à maior maciez da carne”, diz a pesquisadora. “Assim, a seleção

Gado nelore: em maior número no rebanho brasileiro



A seleção do nelore com base em variações genéticas deve aumentar a musculosidade e a maciez da carne, diz Luciana

do nelore com base nessa variação deve aumentar a musculosidade e a maciez da carne.” Essa descoberta foi protegida pelo pedido de patente internacional. O projeto que deu origem a esse pedido fazia parte do mestrado, realizado entre 2009 e 2010, da aluna Polyana Tizioto, bolsista da FAPESP, na UFSCar.

De acordo com Luciana, também orientadora de Polyana, esse trabalho é apenas o primeiro passo para desvendar outros genes de interesse nos bovinos. Essa tarefa será facilitada pelas pesquisas que Luciana começará a desenvolver no começo de 2011. “Vou levar o DNA de 600 nelores produzidos nos três anos do projeto para um estudo em parceria

com o Bovine Functional Genomics Laboratory, do Agricultural Research Service, dos Estados Unidos. Lá ela vai analisar os marcadores desses animais conhecidos como *single nucleotide polymorphism* (SNPs) que podem estar em qualquer parte do genoma, dentro da sequência de genes ou em sequências não codificadoras, que não produzem proteína. São 700 mil marcadores inseridos no *chip* Bovine HD, uma placa com dados genéticos”, revela. A tecnologia que Luciana irá usar nos Estados Unidos deverá ser implantada no Brasil com a compra de equipamentos por meio de um projeto do Programa Equipamentos Multiusuários da FAPESP, recém-aprovado e coordenado pelo professor Luiz Lehmann Coutinho, da Esalq.

A tecnologia desenvolvida pelos pesquisadores ainda não está disponível para os produtores. A próxima etapa do trabalho do grupo é identificar potenciais parceiros que possam comercializar a tecnologia. “A seleção de animais mais eficientes traz benefícios não apenas econômicos”, lembra Luciana. “A alimentação pode representar isoladamente de 5 a 26% dos custos de produção de gado de corte. Além disso, animais mais eficientes emitem menos gases de efeito estufa e necessitam de menor área para produção.” ■

