



Projeto Genoma Onça-Pintada é iniciado

Iniciativa brasileira visa ao sequenciamento completo do material genético da espécie, incluindo caracterização integrada de diversos tipos de informação molecular



foto:BIOTA-FAPESP

Um consórcio de instituições iniciou o Projeto Genoma Onça-Pintada, que visa ao sequenciamento completo do material genético da espécie *Panthera onca*, incluindo caracterização integrada de diversos tipos de informação molecular.

O consórcio é integrado pela Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq) da Universidade de São Paulo (USP), a Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUC-RS) e a Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz) de Minas Gerais, em parceria com o Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Mamíferos Carnívoros (Cenap) do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio), o Instituto Pró-Carnívoros e o Zoológico Municipal de Sorocaba.

O projeto era planejado desde setembro de 2011 e foi iniciado agora com a coleta das primeiras amostras de material biológico de um exemplar do animal, proveniente do Pantanal, selecionado para sequenciamento.

O animal, que está mantido no Zoológico de Sorocaba, será o alvo principal do esforço de sequenciamento de DNA em grande escala, seguido dos processos computacionais de montagem genômica e anotação (caracterização) dos diferentes componentes do material genético da espécie, como genes, elementos regulatórios e elementos repetitivos.

De acordo com os pesquisadores participantes do projeto, o animal atuará como representante da espécie do ponto de vista da caracterização genômica, provendo dados essenciais para compreender a biologia e evolução da onça-pintada, bem como suas diferenças em relação a outras espécies.

Além da sequência genômica completa, o animal também será o foco de estudos sobre o transcriptoma da onça-pintada – a análise de quais genes estão sendo expressos (ativados) em diferentes tecidos em um determinado momento –, que permite validar e qualificar os dados genômicos, além de viabilizar inferências sobre o funcionamento dos genes no animal vivo.

As análises realizadas a partir do animal serão complementadas por investigações genômicas comparativas de outras onças-pintadas, provenientes de diferentes biomas, que serão relevantes para caracterizar a variabilidade genômica presente na espécie e para identificar as bases genéticas de características físicas que podem influenciar na sua adaptação a diferentes ambientes.

Segundo os pesquisadores, as informações serão importantes para compreender a história evolutiva da onça-pintada e contribuir para um delineamento mais preciso e abrangente de estratégias para a sua conservação na natureza.

Além disso, os dados genômicos gerados a partir do projeto poderão ter aplicação forense, provendo uma base de marcadores moleculares que auxiliará na análise de estrutura populacional da espécie e identificação da procedência geográfica de animais de interesse, por exemplo, apreendidos.

Para realizar o projeto, os pesquisadores utilizarão a infraestrutura do Laboratório Multiusuários Centralizado de Genômica Funcional Aplicada à Agropecuária e Agroenergia, instalado na Esalq com auxílio da FAPESP por meio do Programa Equipamentos Multiusuários.

“Com os recursos que obtivemos da FAPESP, adquirimos equipamentos para o centro de genoma funcional, que serão utilizados para sequenciar o genoma da onça-pintada”, disse Luiz Lehmann Coutinho, professor da Esalq e um dos pesquisadores participantes do projeto, à Agência FAPESP.

O pesquisador também participou do projeto de sequenciamento da *Xylella fastidiosa*, bactéria causadora do "amarelinho" – doença que devasta plantações de cítricos –, realizado no âmbito do Programa Genoma da FAPESP.