



USP ESALQ – ACESSORIA DE COMUNICAÇÃO

Site: Fapesp

Data: 19-05-08 (segunda-feira)

Link: http://www.agencia.fapesp.br/boletim_dentro.php?id=8853

Assunto: Frango mapeado

Frango mapeado

Por Thiago Romero

Agência FAPESP – Uma tese de doutorado apresentada no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq), em Piracicaba (SP), possibilitou a identificação de duas novas regiões no genoma do frango que contêm genes associados a características de interesse para a indústria avícola.

Com o objetivo de compreender como as características de desempenho e de rendimento de carcaça de frangos de corte são controladas geneticamente, essas regiões – denominadas QTLs (Quantitative Trait Loci, na sigla em inglês) ou posições no genoma que controlam características quantitativas dos animais – foram obtidas a partir da associação de informação fenotípica (da característica) e genotípica (do DNA).

A identificação das regiões no genoma só foi possível devido à implementação de uma nova metodologia de análise, adaptada pelo então doutorando Millor Fernandes do Rosário, pesquisador do Laboratório de Biotecnologia Animal do Departamento de Zootecnia da Esalq, e outros colaboradores da instituição de pesquisa.

Segundo ele, 360 frangos, fornecidos pela Embrapa Suínos e Aves, unidade da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária em Concórdia (SC), foram selecionados para ter seus DNAs investigados por marcadores moleculares localizados nos cromossomos 1, 3 e 4, que representam 29,2% de todo o genoma da ave.

“A aplicação de um método mais elaborado, chamado mapeamento por intervalo composto, é um dos grandes méritos do estudo em relação aos já publicados por diversos grupos de pesquisa”, disse Rosário à Agência FAPESP. “Ele foi implementado a partir da adaptação de outro método proposto por pesquisadores da Universidade da Carolina do Norte.”

“Com esse método por nós aperfeiçoado, conseguimos mapear, no genoma do frango, um total de 21 QTLs, o que correspondeu a 50% mais QTLs mapeados em relação ao mapeamento por intervalo que vem sendo empregado pela comunidade científica da área”, afirmou.

“A grande diferença é que o mapeamento por intervalo apresenta algumas limitações que foram aperfeiçoadas pelos pesquisadores da universidade norte-americana em plantas, mas ainda não tinha sido implementado em populações de animais”, explicou Rosário.

Duas regiões inéditas

Com dados em mãos, como medidas de desempenho e rendimento de carcaça dos frangos, os pesquisadores realizaram diversas análises utilizando conceitos de genética e estatística. Computadores com alta capacidade de processamento foram utilizados e foi desenvolvido um software próprio.

“Dos 21 QTLs mapeados foram definidas duas regiões do genoma do frango ainda não descritas na literatura – uma associada ao ganho de peso e outra ao consumo de ração pelos animais. Não sabemos, no entanto, quantos e quais genes são responsáveis por essas características”, disse Rosário.

Segundo ele, no Brasil, que é o terceiro maior produtor mundial de carne de frango, 75% do custo de produção do animal vem da ração. “Temos ainda um longo período de estudos pela frente, considerando que nossos resultados são experimentais e agora precisam ser validados em populações de animais comerciais”, apontou.

“Mas, se conseguirmos diminuir, por exemplo, um grama no consumo diário de cada animal, o custo de produção poderá cair significativamente. O Brasil produz anualmente cerca de 4,3 bilhões de aves por ano”, disse o pesquisador, que desenvolveu seu estudo com bolsa de doutorado concedida pela FAPESP. “E como a ração é feita à base de soja e milho, essa redução de consumo seria acompanhada por um excedente desses alimentos no mercado.”

Além de mapear os QTLs, o estudo deu outra importante contribuição à genômica avícola ao estudar a base da correlação genética entre as características dos animais avaliadas, ou seja, como elas se relacionam entre si, o que também poderá contribuir para o melhoramento genético dos animais.

“Verificamos que, apesar de as características de desempenho e de rendimento de carcaça apresentarem elevada correlação, em alguns casos essa correlação se deveu à ligação gênica, ou genes distintos localizados no mesmo cromossomo que controlam uma característica e, em outros casos, à pleiotropia, ou genes que controlam, ao mesmo tempo, diversas características”, explicou.

O trabalho, orientado pelo professor Antonio Augusto Franco Garcia, do Departamento de Genética, e co-orientado pelo professor Luiz Lehmann Coutinho, do Departamento de Zootecnia, ambos da Esalq, contou com a colaboração de mestrandos e outros doutorandos da instituição, além de pesquisadores da Embrapa Suínos e Aves e da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Estadual Paulista (Unesp).