



O Frango da Era Genômica

Aquele frango caipira da época da vovó, com pouca carne e que levava meses para ser abatido, há tempos foi substituído pelo frango comercial altamente produtivo, disponibilizando proteína animal de alto valor nutricional e a custo acessível a grande parte da população brasileira.

O Brasil é o maior exportador e o terceiro maior produtor mundial de carne de frango e esta posição de destaque deve-se aos elevados índices produtivos alcançados graças aos avanços nas áreas da nutrição, ambiência, manejo, equipamentos e instalações. Entretanto, na área do melhoramento genético, o Brasil apresenta baixa contribuição científica, importando tecnologia de países como os Estados Unidos, Inglaterra, Holanda, França, entre outros.

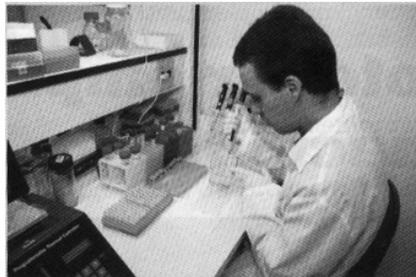
Algumas contribuições brasileiras no intuito de reverter esse cenário estão no desenvolvimento de estudos relacionados à genômica avícola. Uma destas contribuições foi dada pelo estudo desenvolvido por Millor Fernandes do Rosário, doutorando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (USP/ESALQ).

O trabalho foi orientado pelo professor Antonio Augusto Franco Garcia, do Departamento de Genética e co-orientado pelo professor Luiz Lehmann Coutinho, Departamento de Zootecnia, ambos da mesma instituição. O objetivo principal do estudo foi compreender como as características de desempenho e de rendimento de carcaça são controladas geneticamente.

A pesquisa possibilitou a identificação de regiões no genoma da galinha que contêm genes associados a características quantitativas de interesse para a indústria avícola, tais como ganho de peso, consumo de alimento e conversão alimentar bem como rendimento de peito.

Tais regiões são denominadas QTLs (*quantitative trait loci* – posições no genoma que controlam características quantitativas), obtidas a partir de associações entre a informação fenotípica (da característica física) e a genotípica (do DNA) e utilizando métodos de análise genético-estatísticos (envolvem conceitos de genética e estatística).

Para mapear estes QTLs foi necessário consti-



Laboratório da ESALQ: na área do melhoramento genético, o Brasil apresenta baixa contribuição científica

tuir uma população experimental oriunda de cruzamentos entre machos de uma linhagem de postura e fêmeas de uma linhagem de corte.

Aproximadamente dois mil frangos constituíram a segunda geração dos cruzamentos iniciais que foram avaliados para diversas características de desempenho e de rendimento de carcaça (peito, pernas e asas). O desenvolvimento desta população foi realizado pela Embrapa Suínos e Aves, sob coordenação da pesquisadora Mônica Corrêa Ledur e sua equipe.

Do total de frangos, 360 animais foram selecionados para terem seus DNAs investigados por marcadores moleculares localizados nos cromossomos 1, 3 e 4, por representarem 29,2% de todo o genoma da galinha. Estes animais selecionados continham maior variabilidade tanto para as características avaliadas quanto para a parte genética. As análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Biotecnologia Animal, Departamento de Zootecnia da ESALQ, coordenado pelo professor Coutinho.

Uma vez de posse das medidas de desempenho, de rendimento de carcaça além da informação genética, foram iniciadas as análises genético-estatísticas, coordenadas pelo professor Garcia. Devido à complexidade desta etapa, as análises estão restritas aos softwares disponíveis amplamente empregados em estudos desta natureza.

O mérito deste estudo, em relação àqueles já publicados por diversos grupos de pesquisa pelo mundo, foi a aplicação de um método de mapeamento de QTLs mais elaborado, denominado de

mapeamento por intervalo composto, que não apresenta software disponível.

Dessa forma, foi possível levar em consideração todos os fatores envolvidos no estudo para que a localização dos QTLs fosse feita da forma mais precisa possível. Para tanto, computadores com alta capacidade de processamento foram utilizados, além de muitas horas de programação para desenvolvimento de software próprio, o qual foi elaborado pelo doutorando Rodrigo Gazaffi, também aluno da Escola.

O método implementado neste estudo permitiu mapear um total de 21 QTLs, o que correspondeu a 50% mais QTLs mapeados em relação ao método que vem sendo amplamente empregado pela comunidade científica da área, denominado de mapeamento por intervalo, demonstrando maior eficiência de mapeamento. Foram definidas duas regiões ainda não descritas na literatura: uma associada ao ganho de peso e outra ao consumo de ração.

Além de mapear os QTLs, este estudo ainda deu mais uma importante contribuição à genômica avícola, uma vez que permitiu estudar a base da correlação genética entre as características avaliadas, consideradas como características de crescimento, ou seja, como estas características se relacionam entre si.

Este estudo foi um primeiro passo para a compreensão do controle genético destas características. Adicionalmente, os resultados aqui apresentados como são experimentais precisam ser validados em populações comerciais para a efetiva utilização na prática, bem como estudos adicionais que permitirão que estas informações sejam empregadas em programas de melhoramento genético avícolas, alavancando este segmento da cadeia do agronegócio avícola.

O trabalho ainda contou com as colaborações da pesquisadora Mônica Corrêa Ledur, da Embrapa Suínos e Aves, da professora Ana Sílvia A. M. T. Moura, da FMVZ/UNESP, dos mestres Raquel de Lello R. Campos e Marcel Ambo e dos doutorandos Clarissa Boschiero, da FMVZ/UNESP e Gabriel R. A. Margarido, ESALQ/USP. O apoio financeiro foi concedido pela Fapesp e Prodetab/Embrapa.