

Informações ruminadas

Sequenciamento do DNA bovino abre caminho para compreensão e melhoramento das raças



Fama genética: Dominette (acima) é 93% idêntica ao pai, na página ao lado

Domesticados há cerca de 10 mil anos, bois e vacas são fonte de alimento, na forma de leite e carne, para mais de 6 bilhões de pessoas no mundo todo. Agora o conhecimento científico sobre esse animal acaba de dar um salto, com o sequenciamento de seu material genético. O feito, do qual participaram mais de 300 pesquisadores de 25 países, foi anunciado em abril na capa da revista *Science*. Coordenado nos Estados Unidos, o projeto teve participação de brasileiros da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), dos campi de Araçatuba e de Assis da Universidade Estadual Paulista (Unesp) e da Universidade de São Paulo em Ribeirão Preto (USP-RP).

“Compilamos uma lista telefônica com nome e endereço de todos os genes, agora falta descobrir a profissão deles”, compara o veterinário José Fernando Garcia, da Unesp de Araçatuba. O artigo da *Science* mostra que os bois têm cerca de 22 mil genes em cada célula, número semelhante ao de outros mamíferos. A comparação desses resultados com os de outros genomas – cão, ser humano, camundongo, rato, marsupial e ornitorrinco – permitiu aos geneticistas uma primeira avaliação da evolução de cada um desses grupos. No caso bovino, as alterações genéticas mais importantes aconteceram em genes ligados a reprodução, imunidade, lactação e digestão. “O ruminante tem uma grande quantidade de microrganismos no seu estômago”, exemplifica Garcia. “É possível que as alterações genéticas lhes permitam manter esses microrganismos como flora intestinal e não causadores de doenças”, explica, ressaltando que essas interpretações são ainda especulativas. “Geramos o inventário, agora vai começar a exploração.”

O trabalho de laboratório em si foi centralizado nos Estados Unidos e obteve a sequência de 92% do DNA da vaca Dominette, da raça Hereford. Lá, um programa de computador delimitou os genes desvendados. Esses dados depois foram reanalisados por pesquisadores do mundo todo, no processo chamado anotação. Foram 13 grupos que dividiram o material genético conforme a função fisiológica para verificar, gene por gene, se a previsão automática estava correta. Mas não para todos os genes sequenciados. “Foi uma amostragem, cada grupo examinou os genes que lhes interessavam mais”, diz o geneticista Alexandre Rodrigues Caetano, da Embrapa, que coordenou a anotação dos genes relacionados com reprodução, desenvolvimento embrionário e sistema hormonal. Mesmo que só uma parte dos genes tenha sido anotada, em sua estimativa entre 10% e 20%, o pesquisador celebra a aquisição de uma visão global

do genoma, que permite saber como os genes se relacionam uns com os outros. O grupo coordenado por Garcia, de Araçatuba, ficou responsável por genes relacionados à pele e ao sangue.

Diversidade - Segundo o veterinário da Unesp, o projeto do genoma bovino, que começou em 2003, foi construído levando em consideração os sucessos e as limitações do Projeto Genoma Humano encerrado em 2002. “Os pesquisadores perceberam que não bastava conhecer o genoma, era preciso explorar a variabilidade entre os indivíduos”, afirma Garcia. “Nas vacas existem mais de 800 raças criadas e mantidas pelo homem, e o trabalho de melhoramento se baseia nas particularidades que se deseja desenvolver”, conta. Por isso, em paralelo ao sequenciamento do genoma, outro consórcio internacional trabalhou em traçar o mapa da diversidade genética entre raças bovinas. Os resultados estão em um segundo artigo publicado na mesma edição da *Science*, que compara o genoma de Dominette a trechos do DNA de 19 outras raças. Caetano, da Embrapa, coordenou o trabalho para inclusão de amostras de gado Gir e Nelore, as principais raças do rebanho brasileiro – o maior do mundo – no trabalho. Garcia participou dessa fase do trabalho dirigindo a coleta na Etiópia de amostras da raça Sheko, resistente à doença do sono transmitida pela mosca tsé-tsé.

O mapa da variação genética corroborou o que já se sabia sobre a domesticação do gado bovino: entre 8 e 10 mil anos atrás, a domesticação original aconteceu em dois centros. Da Índia saíram os zebuínos, as vacas com cupim, como as principais raças brasileiras, e do Oriente Médio surgiram os taurinos, grupo de que faz parte a raça Hereford. Os resultados mostram que a população inicial de zebuínos era maior do que a que deu origem aos taurinos, que por isso já partiram de uma diversidade genética menor.

A seleção artificial clássica, em que criadores escolhem somente alguns animais como reprodutores em busca

da obtenção de animais mansos, com alta produtividade e resistência a doenças, sem dúvida contribuiu muito para a evolução das vacas, favorecendo a conservação de genes responsáveis por essas características. Nessas estratégias de melhoramento poucos animais contribuem para o patrimônio genético dos rebanhos, e o resultado está no DNA: a diversidade genética dos rebanhos está cada vez mais reduzida. Ainda não é grave, do contrário defeitos genéticos seriam uma fonte importante de mortalidade nos rebanhos. Vem exatamente daí parte da importância de se avaliar a diversidade genética de cada raça: usar a informação para fazer a manutenção da variabilidade.

Caetano ressalta que o genoma e o mapa da diversidade são ferramentas importantes agora à disposição dos pesquisadores e criadores. “Minha função na Embrapa é ajudar pesquisadores a desenhar e executar experimentos usando as melhores tecnologias para cada projeto”, conta. Num único *chip* de DNA, agora é possível, de uma só vez, examinar 60 mil marcadores genéticos em cada animal. É uma ferramenta que torna muito mais rápido, simples e barato fazer uma avaliação genética e selecionar vacas que tenham melhor resistência a doenças ou parasitas, que produzam prole mais leiteira ou com carne mais macia. É uma economia imensa de tempo para os criadores. “Em vez de cruzar um touro e esperar até que suas filhas se reproduzam e comecem a amamentar para avaliar sua produtividade, poderemos selecionar os touros antes mesmo que cheguem à idade reprodutiva”, conta o geneticista.

Será preciso esperar para aplicar esse conhecimento, visto que a maior parte dos genes ainda não foi desvendada. Os próximos anos devem trazer um avanço rápido no conhecimento dos marcadores genéticos de interesse econômico. A novidade não só acelera a seleção, mas permite

melhorar as raças de maneira mais controlada. “Até agora só se podia selecionar animais olhando por fora”, conta Garcia, “atualmente vamos conseguir olhar por dentro também”. O Brasil tem 200 milhões de cabeças de gado bovino, o maior rebanho comercial do mundo. É o país que mais exporta, mas não o que mais lucra. Segundo o pesquisador, isso acontece porque as raças brasileiras não têm algumas das qualidades apresentadas, por exemplo, pelo gado argentino.

O pesquisador da Unesp prevê também que, quando for possível usar essas ferramentas para obter algo como uma certificação genética, os animais brasileiros podem se tornar atraentes para estabelecer raças em outros países. “É um gado que resiste ao calor, a doenças e ao alimento de má qualidade, características que podem ser muito valiosas em outros países tropicais”, imagina. ■

MARIA GUIMARÃES

