



## USP ESALQ – ACESSORIA DE COMUNICAÇÃO

Veículo: Agência USP de Notícias

Data: 13/04/2011

Link: <http://www.usp.br/agen/?p=53343>

Caderno / Página:

Assunto: Controle genético do desempenho de galinhas é detalhado

## Controle genético do desempenho de galinhas é detalhado

Caio Albuquerque, da Assessoria de Comunicação da Esalq

[caiora@esalq.usp.br](mailto:caiora@esalq.usp.br)

Pesquisa da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq) da USP, em Piracicaba, avaliou como características de desempenho e de carcaça são controladas geneticamente em galinhas, por intermédio do mapeamento simultâneo de QTLs (locos que controlam características qualitativas) em duas populações recíprocas no cromossomo 5. A zootecnista Fernanda Eliza de Jesus Silva desenvolveu o estudo com objetivo de complementar e integrar os resultados oriundos do Projeto Brasileiro do Genoma da Galinha.



Objetivo é complementar resultados do Projeto Brasileiro do Genoma da Galinha

O cromossomo foi escolhido porque corresponde a 5,2% do genoma da galinha, que contém 1,25 bilhão de pares de base, e vários QTLs associados a características de interesse para avicultura já foram mapeados em todo o mundo. Orientada pelo pesquisador Millor do Rosário, a zootecnista mapeou 12 QTLs, dos quais seis ainda não tinham sido descritos (peso dos pés, asas, fígado, peso vivo 42 dias, eficiência alimentar 35-41 dias e colesterol). Foi constatado efeito da interação QTL x população, que permitiu evidenciar o efeito do cruzamento recíproco, para o peso da gordura abdominal, cujos alelos para incremento dessa característica tiveram origem em fêmeas da linhagem de corte (TT) da população CTCT. Dessa forma, o alelo de origem materna da linhagem TT apresenta um efeito diferenciado em relação ao de origem paterna da linhagem CC.

“As regiões onde estes QTLs foram mapeados na análise simultânea poderão ser utilizadas como referência para que estudos complementares por meio de outras abordagens genômicas, como por exemplo, mapeamento fino, busca por genes candidatos, testes de associação com SNPs em larga escala e o estudo do padrão de expressão de mRNA entre as linhagens TT e CC possam ser conduzidos”, comenta a autora do estudo.

A pesquisa sugere ainda quatro possíveis genes candidatos (*FGF4*, *FGF19*, *ALX4* e *FMN1*) nas regiões onde os QTLs foram mapeados. Estes genes podem estar associados a síndromes metabólicas (ascite e morte súbita), que têm causado prejuízos anuais da ordem de US\$ 1,5 bilhão para a avicultura mundial, além de defeitos de pernas e dedos tortos. Também podem controlar o metabolismo de lipídeos oriundos da ração, o que pode ser interessante já que 70% dos custos de produção da avicultura são devidos à alimentação. “Futuramente, polimorfismos associados a estes genes poderão ser identificados e validados em populações comerciais. Dessa forma, a seleção assistida por marcadores em associação com a seleção fenotípica em programas de melhoramento genético poderá ser efetivamente implementada na avicultura”, comenta a pesquisadora.

## Marcadores

Para o orientador do estudo, os resultados obtidos poderão complementar ou gerar informações que venham a enriquecer os trabalhos que já vêm sendo desenvolvidos por outros grupos de pesquisas no mundo, tais como *Roslin Institute*, *Wageningen University* e *Michigan State University*, dentre outros. “Há possibilidade de as informações geradas serem usadas na seleção assistida por marcadores de características de desempenho e de carcaça em programas de melhoramento genético, tornando a avicultura brasileira mais competitiva em âmbito nacional e internacional em longo prazo”, conclui Millor. O estudo de Fernanda Eliza de Jesus Silva está inserido no programa de pós-graduação em Ciência Animal e Pastagens, da Esalq, com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Fapesp) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

Em 1999, a Esalq, em parceria com a Embrapa Suínos e Aves, deu início ao Projeto Brasileiro do Genoma da Galinha, cujo objetivo tem sido localizar QTLs (locos que controlam características quantitativas). Os QTLs são regiões do genoma que contêm genes associados, por exemplo, ao rendimento de peito e de coxas, consumo de alimento, deposição de gordura, entre outras.

Para tanto foram desenvolvidas duas populações em condições de clima e de criação brasileiras: a denominada TCTC, em que machos de uma linhagem de corte (TT) foram cruzados com fêmeas de uma linhagem de postura (CC); e outra denominada CTCT, em que machos da linhagem de postura foram cruzados com fêmeas da linhagem de corte. Nestas populações, foram obtidos dados fenotípicos (informações das características de interesse) e genotípicos (informações do DNA). Os projetos de pesquisas desenvolvidos a partir de 2000 estudaram ou a população TCTC ou a CTCT, separadamente.

“Nossa proposta foi realizar o mapeamento simultâneo de QTLs, empregando os dados fenotípicos e genotípicos das duas populações (TCTC e CTCT). Esta abordagem é inédita na ciência avícola, pois ao se analisarem conjuntamente estes dados é possível estudar o chamado efeito recíproco do cruzamento”, afirma Millor Fernandes do Rosário, pesquisador do Laboratório de Biotecnologia Animal, do Departamento de Zootecnia (LZT), da Esalq. O efeito mencionado pode ser devido à ação dos cromossomos sexuais, ao efeito materno, citoplasmático e de *imprinting*. Cada gene é constituído por dois alelos, um de origem paterna e outro de origem materna. Mas a expressão de alguns genes é diferenciada quando o alelo de origem paterna (materna) interfere na ação do alelo de origem materna (paterna). Conseqüentemente, os pintinhos oriundos destes cruzamentos recíprocos podem apresentar desempenho diferenciado durante a criação.

O desenvolvimento das populações experimentais foi feito pela Embrapa Suínos e Aves, Concórdia/SC, sob coordenação da pesquisadora Mônica Ledur entre 1999 a 2001. Diversas características fenotípicas foram avaliadas em cerca de 4 mil aves. O projeto foi desenvolvido em várias etapas que consistiram desde a extração do DNA, a genotipagem dos animais com marcadores de DNA, a construção de mapas de ligação até a parte das análises genético-estatística que permitiram mapear simultaneamente os QTLs. As análises do DNA foram realizadas no Laboratório de Biotecnologia Animal e contaram com a contribuição da aluna de iniciação científica Luiza Guido, orientada do pesquisador, e da especialista em laboratório Nirlei Silva bem como supervisão do professor Luiz Coutinho, todos do LZT/ESALQ. Para o mapeamento simultâneo, o pós-doutorando Rodrigo Gazaffi e o professor Antonio Augusto Garcia, ambos do Departamento de Genética (LGN), implementaram um modelo genético-estatístico para conduzir as análises, já que não havia programa computacional disponível.

**Mais informações: (19) 3429-4435; email [millor@usp.br](mailto:millor@usp.br), com Millor Fernandes do Rosário**