

# Genoma do Guzerá, para quê?

Um passo importante para a consolidação da seleção genômica na pecuária zebuína está sendo dado neste ano. O sequenciamento do genoma do Guzerá será anunciado no dia 3 de maio, a partir das 17h, durante a ExpoZebu 2012, em Uberaba (MG). A pesquisa do sequenciamento do genoma da raça começou efetivamente há pouco mais de um ano, com a aquisição de insumos e equipamentos necessários ao desenvolvimento do projeto. A sequência já foi gerada, com cobertura alta o suficiente para permitir sua montagem, tomando-se como referência

a sequência gerada para *Bos taurus* e a anotação, que é o trabalho de identificação de genes. Na próxima etapa, faremos a identificação de variantes genéticas.

Édipo da Lagoinha foi o animal escolhido para realizar o sequenciamento. Os critérios para a seleção deste indivíduo foram: genealogia conhecida e DNA mitocondrial compatível com origem zebuína, menor endogamia com maior número possível de descendentes; pertencente a fazendas públicas. Entre estes critérios, a baixa endogamia é muito importante, pois garante que o animal não será muito homozigoto. Assim, seu sequenciamento já permitirá a identificação de variantes (SNPs e CNVs) específicas da raça. E como ele foi um padrador importante, estas variantes estarão distribuídas entre seus descendentes, podendo ser usadas no processo de seleção.

No caso do sequenciamento do segundo animal taurino, um indivíduo da raça Fleckvieh, feito na Alemanha, as pesquisas mostraram grande número de variantes genéticas. O surpreendente foi que a maioria das variantes genéticas não era compartilhada entre os animais sequenciados. Assim, há interesse em conhecer as variantes genéticas próprias da raça. Nós temos trabalhado com o sequenciamento de genes específicos em Guzerá há alguns anos e já descobrimos uma série de variantes que são próprias de Guzerá ou de zebuínos. Portanto, esta etapa vai fornecer novos marcadores genéticos que poderão ser usados em estudos de associação. Além disso, é possível tentar prever o efeito de variantes. Este trabalho é feito por Bioinformática, precisando de confirmação posterior.

Neste sentido, estão sendo desenvolvidos em nível internacional outros projetos, como o Bovine 1000 genomes e o Bovine Exome, que vão auxiliar na compreensão de que variantes são as mais importantes, do ponto de vista funcional. Além disso, em breve teremos disponíveis os métodos para detecção de mutações nas sequências que codificam proteínas (exoma) e para detecção do número de cópias presentes de cada gene (aCGH), que permitiram uma compreensão bem mais aprofundada dos fatores genéticos que interferem nas

---

*“A vantagem do sequenciamento completo do genoma é que descobriremos variantes específicas da raça.”*

---

características de interesse econômico.

As novas variantes descobertas poderão ser incorporadas em painéis de marcadores moleculares, para uso em seleção genômica. Entretanto, este é um passo que deve ser dado com muito cuidado. Antes de

se proceder a seleção genômica, é preciso validar os painéis de marcadores moleculares em grandes amostras de animais que estão em sistemas de avaliação. Só assim será possível saber se as assinaturas de seleção eventualmente detectadas estão associadas a quais variações funcionais. Todo o cuidado é pouco, pois a ferramenta é bastante poderosa. Seria desastroso que fosse usada para implementar seleção unidirecional mais rápido, por exemplo.

Os criadores de Guzerá poderão incorporar a seleção genômica às outras metodologias, futuramente. O primeiro passo é a validação das baterias já disponíveis para detecção de SNPs, ou seja, a avaliação de como estas baterias “performam” na raça. Ou seja, os SNPs incluídos capturam a diversidade genética da raça? Como foi dito antes, com apenas dois animais sequenciados para taurinos já foi possível antever uma variação muito grande das variantes presentes entre eles. Assim, ainda que o número de SNPs que fazem parte de uma bateria seja muito grande, é possível que a maioria deles não seja polimórfica em uma determinada raça. Além disso, os SNPs que apresentam variação podem não estar bem distribuídos na raça, de tal forma que regiões podem estar a descoberto.

A vantagem do sequenciamento completo do genoma é que descobriremos variantes específicas da raça. Estas variantes podem ser testadas em menor escala, e aquelas que se mostrarem úteis podem vir a ser incorporadas em baterias de SNPs, pois algumas delas permitem customização.

Ainda assim, são necessários estudos preliminares. Os dados obtidos em taurinos ou em outras raças zebuínas não podem ser simplesmente transpostos, sem uma etapa de identificação de assinaturas de seleção específicas da raça e da associação destas com os fenótipos de interesse.