

SELEÇÃO GENÔMICA PARA A QUALIDADE DA CARNE: CAMINHOS PARA A PECUÁRIA SUSTENTÁVEL

Luciana Correia de Almeida Regitano¹

Marcílio Dias Silveira da Mota²

Maurício de Alvarenga Mudado³

¹Embrapa Pecuária Sudeste, Cx. Postal 339, São Carlos, SP. 13560-970. luciana@cppse.embrapa.br;

²FMVZ/Unesp, Cx. Postal 560, Botucatu, SP. 18618-000. mdsmota@fmvz.unesp.br;

³Embrapa Pecuária Sudeste, Cx. Postal 339, São Carlos, SP. 13560-970. mudadu@cppse.embrapa.br.

Para aumentar os índices produtivos ao longo dos últimos anos, o melhoramento genético de bovinos de corte tem feito uso da seleção, processo que envolve a escolha de animais geneticamente superiores para uma ou mais características em uma população (raça, rebanho, grupamento genético) para serem pais da geração seguinte.

Esta escolha tradicionalmente tem se baseado em metodologias da genética quantitativa, as quais procuram prever o valor genético dos animais em função de informações de desempenho do próprio animal e de seus parentes, estimando a contribuição dos componentes genético, ambiental e interações entre ambos na manifestação do fenótipo. Nesse processo surge a questão do balanço entre a capacidade de predição (acurácia) desses componentes e o tempo para alcançar o volume de informações fenotípicas necessário para se obter boa avaliação. Assim, quanto mais observações de desempenho de um animal e de seus parentes, maior a acurácia das predições. Além disso, para características que se expressam somente em um sexo ou que são avaliadas após o abate é preciso aguardar que um touro jovem produza descendentes em quantidade suficiente para que se possa avaliar eficientemente seu potencial genético, aumentando o intervalo de gerações e reduzindo o ganho genético anual.

Desde que surgiram, se tem preconizado que os marcadores moleculares podem auxiliar a seleção, contribuindo para aumentar a confiabilidade das predições de valores genéticos. Estudos demonstraram que era possível associar variações de desempenho a regiões do genoma, que se denominaram locos de caracteres quantitativos ou QTL (iniciais do inglês *Quantitative Trait Loci*). Apesar de terem contribuído para o conhecimento, desenvolvimento de metodologias estatísticas e, principalmente, para a integração de pesquisas nas áreas de genética quantitativa e genética molecular, a aplicação desse conhecimento no melhoramento genético foi limitada pelo alto custo da análise de marcadores e pelo baixo poder de detecção desses QTL. Tipicamente, ao final de um projeto de mapeamento de QTL, só se conseguia identificar as regiões genômicas que tinham maior efeito individualmente sobre a característica, e a soma de todos os efeitos dos QTL mapeados representava pequena fração da variação total.

Posteriormente, com o desenvolvimento de marcadores moleculares do tipo polimorfismos de única base (SNP – do inglês *Single Nucleotide Polymorphism*), presentes em alta densidade no genoma e passíveis de análise simultânea em arranjos de milhares de marcadores, os “chips de SNP”, é que se deixou de falar em seleção assistida por marcadores para se pensar em seleção genômica.

A seleção genômica tem por objetivo aumentar a acurácia da predição do valor genético sem comprometimento do intervalo de gerações, incorporando informações de regiões do genoma associadas às características de interesse

para o melhoramento.

Outra possível contribuição da seleção genômica é a redução dos “efeitos carona” da seleção em caracteres geneticamente correlacionados. Exemplos desses efeitos são bem conhecidos no melhoramento animal, tal como o aumento da frequência do gene responsável pela síndrome da carne pálida, macia e exsudativa em decorrência da seleção para musculosidade em suínos. Em bovinos de corte, a seleção para maior ganho de peso resultou em maiores tamanhos corporais e vacas com alta exigência de mantença. À medida que se consegue identificar regiões genômicas que afetam individualmente cada uma das características correlacionadas, a informação pode ser utilizada para reduzir esse efeito.

Assim como a seleção tradicional, a genômica depende da avaliação de desempenho dos animais da população sob seleção, para identificar as regiões genômicas associadas às características de interesse e estimar seus efeitos sobre a média da população, em uma amostra chamada de “população de treinamento”. Uma vez determinados os parâmetros para os marcadores, diferentes métodos podem ser utilizados para integração dos processos de predição de DEP tradicional e genômicas (Garrick, 2011). A acurácia da estimativa de parâmetros genéticos relacionados aos marcadores depende, entre outros fatores, do tamanho da amostra e da herdabilidade da característica. Como no melhoramento tradicional, essas estimativas se alteram à medida que a própria seleção promove mudanças na população. Assim, de tempos em tempos, há necessidade de refazer as estimativas incluindo indivíduos das gerações mais novas na “população de treinamento”, os quais precisam ter tanto informação de marcadores quanto de desempenho. A dependência de grande volume de registros fenotípicos é um dos maiores desafios para a aplicação de seleção genômica em bovinos de corte, quando comparado à situação encontrada em bovinos leiteiros, onde a utilização de inseminação artificial é mais intensa, propiciando a avaliação mais acurada de touros em função do desempenho de suas progênes.

A definição de quais características serão incorporadas aos programas de melhoramento genético deverá receber maior atenção em bovinos de corte, pois o mercado consumidor cada vez mais direcionará os caminhos da seleção. Assim, questões como qualidade do produto, bem estar animal e impacto ambiental da produção serão cada vez mais presentes na determinação dos critérios de seleção. Dessa forma, a avaliação de características fenotípicas relacionadas à qualidade do produto, temperamento dos animais e eficiência da produção, em termos de degradação da terra e emissão de poluentes vem sendo preconizada nos países do hemisfério norte, sugerindo mudança de cultura nos programas de melhoramento dirigidos para caracteres de fácil avaliação como é o caso do desenvolvimento ponderal (Garrick, 2011).

Além das características mencionadas anteriormente, a seleção genômica deve ter impacto sobre características de resistência a doenças infecciosas e parasitárias e outros estresses ambientais, tais como a termotolerância.

No Brasil há algumas iniciativas para o desenvolvimento e incorporação da genômica ao melhoramento de gado de corte. Desde 2007 a Embrapa financia projeto multiinstitucional no qual se pretende avaliar a variabilidade genética de representantes da raça Nelore para características de eficiência alimentar, qualidade da carne e temperamento. No projeto, que integra a rede de pesquisa Bifequali, três safras de progênes de 30 touros Nelore, escolhidos segundo critérios que propiciassem representar a máxima divergência genética (menor parentesco) e preço de sêmen compatível com a realidade do produtor, serão avaliadas do nascimento até o abate. Ao final desse projeto espera-se ter 800 novilhos mensurados e informação de marcadores em larga escala para touros e progênes. Os resultados dos abates realizados em 2009 e 2010 foram promissores, tendo sido possível identificar associação de dois genes, que não haviam sido estudados em bovinos, com a maciez da carne. Um deles, o gene *DDEF1* participa do processo de diferenciação celular e, além de ter se mostrado associado à maciez da carne, também influenciou as medidas de área de olho de lombo (Silveira, 2011).