

Impacto

Nas últimas décadas, a seleção de galinhas enfatizou principalmente o crescimento rápido e a redução da conversão alimentar. O progresso genético obtido na taxa de crescimento foi, entretanto, acompanhado pelo aparecimento de algumas características indesejáveis, como o aumento da deposição de gordura na carcaça e a ocorrência de problemas metabólicos, como ascite e morte súbita. Estes últimos podem ser atribuídos ao crescimento desproporcional de órgãos em relação ao peso vivo. Considerando-se a dificuldade de seleção destas características pelos métodos tradicionais, essas regiões são candidatas a estudos futuros para a identificação de genes ligados ao desenvolvimento de órgãos como, por exemplo, coração e pulmão, para posterior utilização em programas de seleção.

Essa estratégia pode auxiliar na redução da incidência dos problemas metabólicos cotados, os quais relacionam-se com a capacidade cardio-respiratória e causam perdas econômicas tanto para o produtor quanto para a indústria avícola. Assim, estes resultados são de grande interesse para todo setor avícola.

Para obter mais informações visite a página da Embrapa Suínos e Aves e consulte o link sobre genômica de aves:
www.cnpsa.embrapa.br

Equipe de pesquisadores, analistas e técnicos da Embrapa Suínos e Aves que trabalham com o mapeamento de QTL's:

Alexandre Luiz Tessmann

Biólogo, assistente da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.

Jane de Oliveira Peixoto

Zootecnista, D.Sc. em Zootecnia, pesquisadora da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.

João Batista Ribeiro

Biólogo, D.Sc. em Microbiologia Agrícola, analista da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.

Mônica Corrêa Ledur

Zootecnista, PhD em Genética e Melhoramento Animal, pesquisadora da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.

Elaborado por:

Anelise Sulzbach

Relações Públicas da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.

Jane de Oliveira Peixoto

Pesquisadora da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.

Paulo Augusto Esteves

Pesquisador da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.

Revisão Técnica:

Clarissa Vaz

Pesquisadora da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.

Jean C.P.V.B. Souza

Jornalista da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.

Valéria M. N. Abreu

Pesquisadora da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC.



Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Suínos e Aves
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
Caixa Postal 21, 89.700-000, Concórdia, SC
Telefone (49) 3441 0400, Fax (49) 3441 0497
<http://www.cnpsa.embrapa.br>
sac@cnpsa.embrapa.br

Ministério da
Agricultura, Pecuária
e Abastecimento



MAPEAMENTO DE QTLs (quantitative trait loci) EM GALINHAS



Suínos e Aves

1ª Edição
1ª Impressão
Tiragem: 2000 exemplares

A Embrapa Suínos e Aves e a Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ/USP), desde o ano de 2000, estão liderando um esforço nacional para a formação do “Projeto do Genoma do Frango”. Diversos estudos estão em desenvolvimento a fim de mapear regiões do genoma da galinha que controlam características quantitativas ou complexas, tais como as características produtivas.

Os objetivos são:

→ Mapear regiões genômicas associadas a fenótipos economicamente importantes, como as características de desempenho, carcaça e qualidade da carne em galinhas;

→ Identificar marcadores moleculares que possam ser utilizados para melhorar a eficiência produtiva e a qualidade do produto final da galinha, beneficiando toda a cadeia produtiva, incluindo o consumidor;

→ Disponibilizar para a indústria avícola marcadores moleculares a serem utilizados na seleção precoce de animais com melhor eficiência produtiva e qualidade de carne.

O que é QTL?

Os QTLs são regiões genômicas estatisticamente associadas a características quantitativas. Essas regiões são identificadas a partir de associações estatísticas significativas entre valores genotípicos obtidos a partir de marcadores moleculares e a variabilidade fenotípica existente em uma população.

Estudo de QTLs por meio de varreduras genômicas

A varredura genômica é um método que tem se mostrado bastante efetivo para a detecção de QTLs. Nesse procedimento são utilizados principalmente marcadores microssatélites posicionados ao longo de todo genoma ou em cromossomos individuais a fim de identificar regiões que afetam características quantitativas.

A grande vantagem desse procedimento é a possibilidade da detecção dos QTLs sem a necessidade de haver conhecimento prévio dos genes que estão envolvidos na manifestação do fenótipo de interesse. Portanto, a varredura genômica é uma abordagem inicial, sendo necessárias estratégias complementares para se identificar e localizar os genes responsáveis pela variação genética observada.

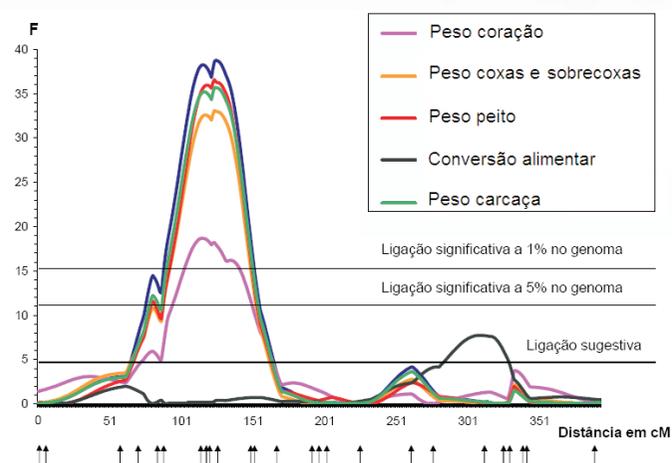


Figura 1 - QTL mapeado no cromossomo 1 da galinha influenciando várias características produtivas. As setas indicam as posições dos marcadores no cromossomo.

Resultados

O melhoramento genético, através da seleção e cruzamentos, busca, a cada geração, aumentar a frequência de genes associados a características fenotípicas desejáveis, gerando um aumento de produção. O avanço no conhecimento de técnicas moleculares tem permitido a identificação e manipulação direta de seqüências de DNA, para complementação dos métodos tradicionais de melhoramento animal, prometendo, no futuro, ganhos genéticos adicionais.

Nessa linha de pesquisa de genômica de galinhas já foram identificados Lócus de características quantitativas (QTLs) e genes associados a características produtivas em aves. Nos cromossomos 1 a 5 foram mapeados QTLs para as características de: peso vivo, consumo de ração, carcaça e peso de órgãos. No cromossomo 7 foi encontrado um QTL afetando cinco características relacionadas a crescimento e consumo alimentar. Outros QTLs foram mapeados nos cromossomos 6 e 11 (associados com o peso dos pés), nos cromossomos 8 e 11 (relacionados com o peso da moela) e no cromossomo 13 (associados com o peso do coração). Foram mapeados no genoma da galinha QTLs explicando proporções significativas da variação em características de grande importância econômica, como conversão alimentar e ganho de peso. Além disso, foram relatados QTLs ainda não descritos para peso de fígado, moela, pulmão e coração.