

04 (3)

A utilização da informática na agropecuária e o impacto da bioinformática no melhoramento genético animal

Novas técnicas e tecnologias sempre despertam a curiosidade e a desconfiança da sociedade em geral, e não é incomum o surgimento de um sentimento de desconfiança maior do que a curiosidade, o que acaba sendo mais um fator contrário à adoção de novos recursos e ferramentas.

Em termos gerais essa atitude pode ser percebida no uso e na adoção de recursos da informática aplicados à agropecuária, apesar de não existir qualquer dúvida ou discussão sobre todos os benefícios que a informática traz para o agronegócio em geral. Entretanto, a efetiva adoção de um software para, por exemplo, gerenciamento de rebanhos, ainda não é uma prática comum ou, pelo menos, não é uma prática adotada na escala em que poderia ser.

O desenvolvimento de software para o setor agropecuário ainda é bastante modesto, visto que Mendes e outros, a partir de um trabalho da Embrapa Informática Agropecuária, apresentaram um estudo no VII Congresso Brasileiro de Agroinformática, realizado em Viçosa (MG), no último mês de setembro, onde foram identificadas, em todo o Brasil, 124 empresas privadas que atuam no segmento específico de desenvolvimento de software para agropecuária. Esse número é relativamente pequeno em contraste com aproximadamente 2.100 empresas em todo

•Wagner Antonio Arbex¹, Marta Fonseca Martins Guimarães¹, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva¹, Isabela Fonseca², Daisyléa de Souza Paiva³, Leonardo Gerhein de Andrade⁴, Ricardo Ferreira Tagliatti⁴

•1 Pesquisador da Embrapa Gado de Leite

•2 Bolsista de Apoio Técnico à Pesquisa da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais

•3 Estagiária da Embrapa Gado de Leite, estudante do curso de Farmácia pela Universidade Federal de Juiz de Fora

•4 Estagiário da Embrapa Gado de Leite, estudante do curso de Análise de Sistemas pela Universidade Salgado de Oliveira

o Brasil que atuam no desenvolvimento de software para todos os segmentos da economia, de acordo com o último relatório anual da Associação Brasileira das Empresas de Software (Abes).

Nesse segmento específico destacam-se em Minas Gerais, Viçosa e Belo Horizonte, respectivamente com 11 e 9 empresas, como os municípios com maior número de empresas desenvolvedoras; seguidos do Estado de São Paulo, com a capital e Campinas, com 7 empresas cada; e Curitiba, no Paraná, com 6 empresas. Como informação adicional, segundo os relatórios anuais da Abes, nos últimos cinco anos, a participação do software para a agroindústria no mercado comprador de software quase dobrou, partindo de 1,1%, em 2005, e chegando a 2% em 2009.

A partir da década de 90, os setores da agropecuária de maior afinidade com avanços tecnológicos começaram a conviver com as ferramentas da bioinformática e as

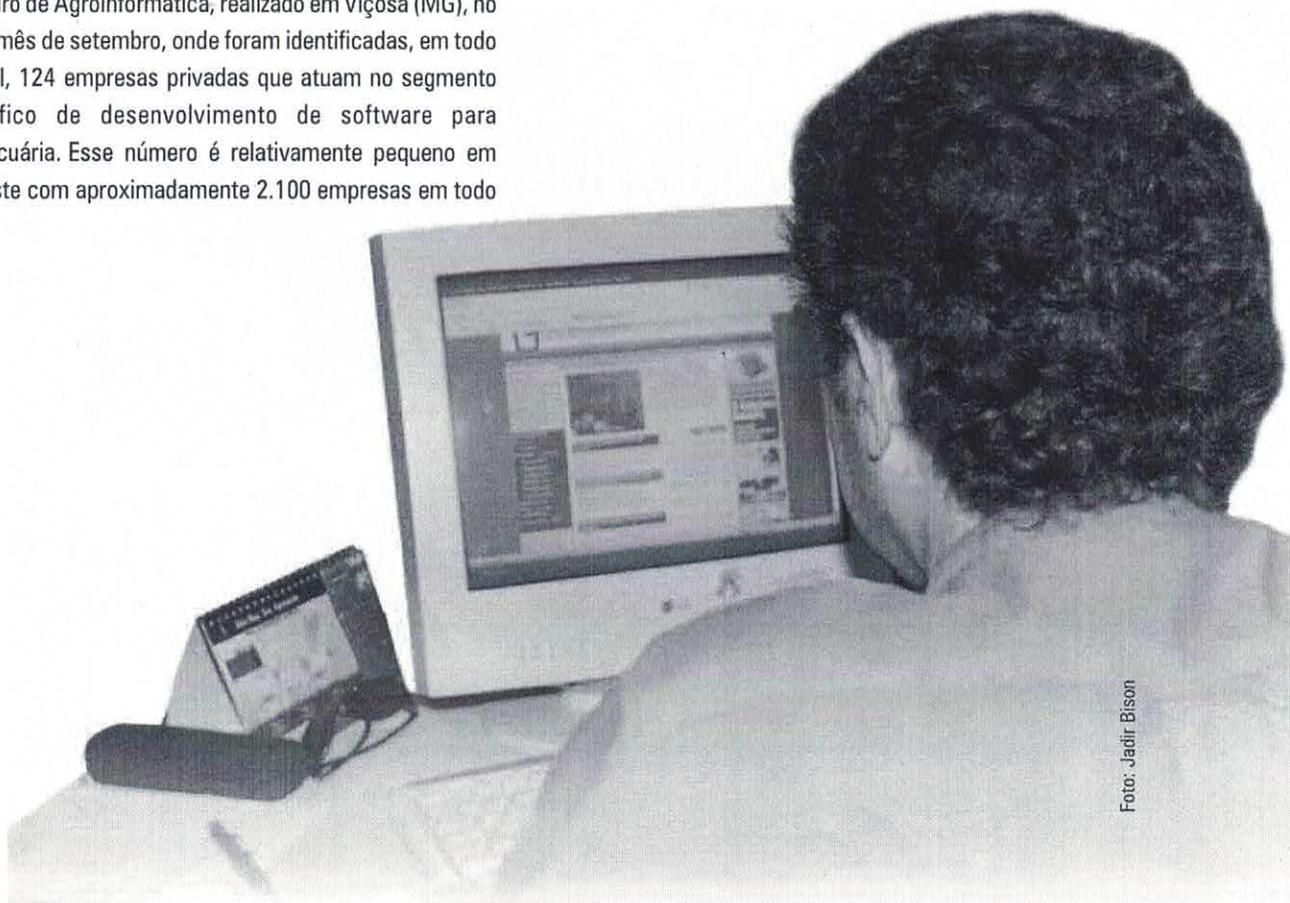


Foto: Jadir Bison

SP 5020
P. 160

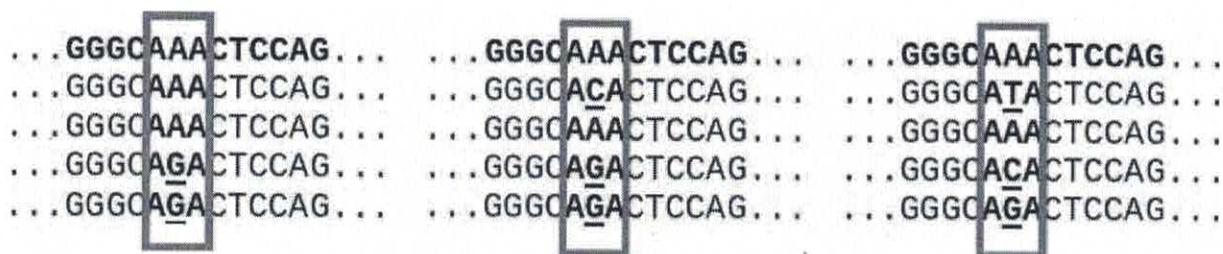


Figura 1: Exemplos hipotéticos de polimorfismos bi, tri e tetra-alelicos, respectivamente. A primeira linha, em negrito, representa a sequência consenso e as bases sublinhadas, os polimorfismos.

inovações que surgiram começaram a ser utilizadas, principalmente, para o melhoramento genético. Seus recursos e ferramentas estão sendo rapidamente absorvidos e adotados por esses setores, diferentemente do que se percebe com as áreas tradicionais da agropecuária que, em geral, utilizam a informática, tais como administração de fazendas ou gerenciamento de rebanhos.

A bioinformática surgiu em meados da década de 80, quando o Department of Energy e o National Institutes of Health tomaram a iniciativa de investigar o genoma humano, buscando, respectivamente, avaliar os riscos da energia nuclear à saúde e compreender melhor os processos biológicos subjacentes à saúde e à doença. Dessa forma, foi iniciado o Projeto Genoma Humano, onde a bioinformática possibilitou o desenvolvimento de tecnologias para processamento e interpretação das grandes massas de dados genéticos. No Brasil, um dos marcos do surgimento da bioinformática foi o sequenciamento do DNA da *Xylella fastidiosa*, bactéria causadora da "praga do amarelinho", em 1999, sendo esse um dos primeiros e mais importantes trabalhos em bioinformática concluídos no país.

Entre outros importantes trabalhos de pesquisa e desenvolvimento de bioinformática podem ser citados os de melhoramento genético animal, cujos princípios partem da herança e da variação das características dos indivíduos aos seus descendentes. Dessa forma, o que se busca é a identificação de indivíduos com características de interesse que devem ser transmitidas aos seus descendentes.

A bioinformática atua nesse campo na identificação de sequências genéticas que estejam associadas a tais características, como, por exemplo, a identificação de informação genômica associada às características positivas de aptidão para produção de leite ou para resistência ao carrapato. Assim, uma vez identificadas as características desejadas, o passo seguinte seria a seleção

dos animais que as possuem e a utilização do material genético desses animais para a reprodução.

Há vários anos são utilizados marcadores moleculares para a identificação de "locais" nas sequências genéticas onde se encontram as informações sobre as características procuradas; entretanto, com a bioinformática uma nova perspectiva foi aberta frente ao volume de informações passíveis de serem tratadas, assim como as novas ferramentas e modelos computacionais que estão sendo utilizados. Nesse campo, é destaque a utilização de polimorfismos de base única, do inglês single nucleotide polymorphisms (SNPs), que são modificações de um único

Girolando
CAYUABA

Produzido com 40 anos
de Genética Holandesa
verde e amarela
CAYUABA

MG 270 - KM 08 - Entre Rios de Minas
(31) 3751-1003
(31) 9983-6754
www.cayuaba.com.br | skype: cayuaba

nucleotídeo, em uma dada sequência, quando comparada a outra (Figura 1). Ou seja, SNPs são pares de bases em uma única posição no DNA genômico, que se apresentam com diferentes alternativas nas sequências – isto é, alelos – e podem ser encontrados no genoma de indivíduos normais em algumas populações ou grupos de indivíduos.

O que difere um indivíduo dos demais da sua espécie é o código genético, que, em sua essência, são as sequências de nucleotídeos que formam as moléculas e sequências de DNA, RNA e proteínas, que, por sua vez, interagem e formam as células, as quais também, por sua vez, interagem e formam os tecidos, os órgãos, até que, finalmente, formam os indivíduos. Ou seja, no código genético as diferenças se iniciam na ordem em que os nucleotídeos se apresentam para, posteriormente, após um complexo processo, originarem as proteínas. Essa é a importância dos SNPs, pois, em síntese, a alteração de um único nucleotídeo, uma única base, em uma dada sequência, pode alterar a produção de uma certa proteína e, se for o caso, o conjunto dessas alterações pode provocar variações nas características dos indivíduos da espécie.

A maior parte do genoma entre os indivíduos de mesma espécie é idêntica; porém, existe a variabilidade genética, que são as diferenças encontradas em algumas regiões do genoma. A* variabilidade consiste na alteração nas sequências de bases ao longo do DNA e ocorrem por substituição, ausência ou duplicação de bases e os SNPs são o tipo mais comum de variabilidade genética. Assim, tais diferenças são importantes no estudo da variabilidade das espécies, pois podem provocar alterações funcionais ou fenotípicas que, por sua vez, podem implicar em consequências evolutivas ou bioquímicas nos indivíduos em que os SNPs se manifestam.

Assim, a idéia é conseguir, com ferramentas de bioinformática, identificar SNPs em sequências genéticas, caracterizá-los e, dessa forma, determinar as suas localizações e verificar se esses polimorfismos podem provocar ou suprimir a manifestação de alguma característica específica nos indivíduos.

Nos textos de Arbex e Caetano é possível encontrar boa descrição das ferramentas de bioinformática para mineração de SNPs, desenvolvidas e utilizadas a partir da década de 90, até os dias atuais, mostrando a evolução das mesmas. O desenvolvimento de novas ferramentas para esse propósito foi, em parte, impulsionado pela necessidade de se atender ao The SNP Consortium, instalado a partir 1999, quando começou a gerar grandes

volumes de dados em projetos de investigação de SNP em escala genômica.

As primeiras ferramentas foram desenvolvidas para procedimentos semi-automatizados, combinando procedimentos em “bancada” com procedimentos *in silico*, isto é, procedimentos de laboratório eram auxiliados por sistemas de computação. Atualmente, porém, esse trabalho é todo desenvolvido por sistemas de computação a partir de dados gerados nos sequenciadores automáticos. Essa evolução tornou o processo de mineração de SNPs milhares de vezes mais rápido e mais barato. Entretanto o custo computacional cresceu na mesma direção, exigindo sistemas de grande aporte computacional para ser realizado.

Diversas outras informações poderiam ser apresentadas nesse artigo, em se tratando da bioinformática e sua utilização no melhoramento genético animal, mas foi dado enfoque a uma das maiores aplicações nessa área, sem, entretanto, esgotar o assunto e, caso o leitor queira maiores detalhes, pode iniciar sua pesquisa pelas referências que acompanham este texto.

1) Mendes, C. I. C.; Vendrusculo, L. G.; Macedo, D. H.; Moraes, M. A. S. Empresas desenvolvedoras de software para o agronegócio: um retrato preliminar. In: SBIAgro 2009 – VII Congresso Brasileiro de Agroinformática, 2009, Viçosa, MG. Anais... Lavras : Universidade Federal de Lavras, 2009

2) Portal da TI para o Agronegócio – <http://www.swagro.cnptia.embrapa.br/>

3) Mercado Brasileiro de Software – <http://www.abes.org.br/templ2.aspx?>

4) Associação Brasileira das Empresas de Software (ABES) – <http://www.abes.org.br/>

5) Dados do Setor – <http://www.abes.org.br/templ2.aspx?id=306&sub=306>

6) Human Genome Project Information – http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/home.shtml

7) Xylella fastidiosa Genome Project – <http://www.lbi.ic.unicamp.br/xf/>

8) Pronuncia-se “snips”.

9) Arbex, W. Modelos computacionais para identificação de informação genômica associada à resistência ao carrapato bovino. 2009. 200 p.. Tese (Doutorado em Engenharia de Sistemas e Computação) - Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2009.

10) Caetano, A. R. Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. Revista Brasileira de Zootecnia, v. 38, p. 64 – 71, 2009.

11) International HapMap Project – <http://snp.cshl.org/>

G O GIROLANDO

Órgão Oficial da Associação Brasileira dos Criadores de Girolando | Ano XI | Nº 71 | Março / Abril de 2010

Impressão Especial
Contrato 09/24/2009
FOTODR-MG - União Rural

Impressão e Envelopamento Autorizado
pode ser aberto pela E.C.T.



Crescimento acelerado

Raça Girolando apresenta alta no número de registros, de lactações encerradas, de exposições homologadas e boas médias nos leilões consolidando sua genética dentro e fora do Brasil