

Biotecnologia animal

LUIZ LEHMANN COUTINHO

e MILLOR FERNANDES DO ROSÁRIO

Introdução

A BIOTECNOLOGIA tem sido empregada na produção de bens e serviços por meio do uso de organismos vivos ou parte deles. Diversas atividades que vêm sendo realizadas pelos seres humanos há milhares de anos, como a produção de alimentos fermentados (pão, vinho, iogurte, cerveja etc.), são exemplos do emprego da biotecnologia. Mas foi só a partir da descoberta da estrutura do DNA por Watson e Crick, em 1953, e da tecnologia do DNA recombinante, na década de 1970, que a biotecnologia moderna tem sido empregada para designar o uso da informação genética obtida diretamente do DNA.

Na produção animal, a biotecnologia pode ser empregada para aumentar a produção de alimentos, a eficiência dos sistemas de produção, a qualidade dos produtos de origem animal e a sustentabilidade do sistema. Alguns exemplos dos produtos comercialmente disponíveis e que foram gerados com o emprego de técnicas biotecnológicas são o hormônio de crescimento bovino, empregado para aumentar a produção de leite; vacinas recombinantes para prevenção de doenças em bovinos, suínos, ovinos e aves; testes genéticos de DNA utilizados na seleção de animais com genótipos superiores em programas de melhoramento.

Em virtude da abrangência do tema, a proposta deste texto é discorrer sobre o emprego biotecnologia animal por meio da abordagem de diferentes técnicas de análise da informação contida no DNA para aplicações junto aos programas de melhoramento genético das espécies de interesse zootécnico, tais como bovinos, suínos, aves, entre outras. Além disso, serão apresentadas aplicações e perspectivas do uso da biotecnologia animal especialmente para o melhoramento genético das espécies bovinas e de aves.

Melhoramento genético animal

Foi no século XX que a produção animal deixou de ser uma atividade apenas de subsistência e extrativista para ser conduzida como uma atividade comercial. Ocorreu uma demanda crescente por animais que apresentassem melhor desempenho e que fossem mais bem adaptados às diversas condições ambientais. Deu-se início, então, aos programas de melhoramento das raças de bovinos, suínos, aves, ovinos, caprinos, entre outras. Empregando como base genética o conjunto de alelos das raças já domesticadas, esses programas foram conduzidos intuitivamente, com base em características produtivas e estéticas de animais que apresentavam fenótipos superiores. Ciclos de mensuração de fenótipos foram estabelecidos para a seleção dos animais que apresentavam genótipos superiores

para constituírem os progenitores das gerações seguintes. Consequentemente, esse processo de seleção conduziu a um aumento da frequência de alelos favoráveis que aprimoravam as características produtivas.

Os programas de melhoramento, então, aperfeiçoaram os índices de produtividade, bem como o potencial adaptativo das espécies de interesse econômico, sem conhecer os genes individualmente e os mecanismos moleculares a eles associados. Salienta-se que graças aos avanços nas áreas da estatística, por meio do desenvolvimento de modelos de seleção mais elaborados, bem como da computação, com o desenvolvimento de *softwares* cada vez mais sofisticados, os programas de melhoramento têm conseguido progressos significativos.

Apesar dos ganhos observados em diversas características (por exemplo, ganho de peso, produção de leite, de carne e de ovos), a estimativa do potencial genético baseado exclusivamente no fenótipo do animal apresenta algumas limitações. Como prever, por exemplo, o rendimento de carcaça e de partes e quantidade de gordura corporal sem abater o animal? E avaliar a resistência a doenças sem realizar o desafio com um patógeno? Esses são alguns exemplos de características difíceis ou onerosas de ser mensuradas com acurácia em programas de melhoramento tradicional, e, portanto, o incremento nas taxas de melhoramento dessas características fica limitado.

Os trabalhos de G. Mendel, de 1865, estabeleceram as leis da hereditariedade, associando um componente hereditário às características observáveis. Já o trabalho de Ronald A. Fisher, em 1918, foi o primeiro a distinguir a variância genética da variância ambiental e a decompor a variância genética em aditiva, de dominância e de epistasia. Esses trabalhos permitiram definir que o fenótipo (variabilidade fenotípica) podia ser decomposto em duas partes: uma devida à genética (variabilidade genética) e outra devida ao ambiente (variabilidade ambiental). Mas foi apenas em 1944 que Oswald T. Avery comprovou que o fator hereditário é determinado pelo DNA (Coutinho et al., 2010).

Biotecnologia animal

Com a descoberta da estrutura do DNA, em 1953, e com a tecnologia do DNA recombinante combinada ao advento dos marcadores moleculares, ambos propostos na década de 1970, vislumbrou-se a possibilidade de incrementar a informação oriunda do fenótipo com aquela oriunda diretamente do DNA, de forma que os processos de identificação e seleção dos animais com genótipos superiores pudessem ser realizados mais eficientemente. As marcas na sequência de DNA próximas à região de interesse (genes) permitiriam o acompanhamento da segregação de alelos por gerações e, por consequência, da característica de interesse a elas associada. Essas marcas são identificadas pela associação dos alelos segregantes com valores fenotípicos referentes à característica estudada. Como a capacidade de produção de um animal (fenótipo) é o resultado da interação entre o material genético (genótipo) e o ambiente, esses marcadores representariam a possibilidade de seleção de animais também com base no genótipo, antes mesmo da expressão do fenótipo.

Vislumbrou-se, portanto, a possibilidade de determinação do mérito genético de um animal nos estádios embrionários ou jovens, sem a necessidade de avaliação da produção ou da progênie, o que levaria a uma seleção mais rápida e eficiente.

Os marcadores moleculares, portanto, têm sido uma ferramenta poderosa para a identificação das mutações que influenciam características controladas por um ou poucos genes. No entanto, a maioria das características de interesse econômico apresenta o padrão poligênico de herança, sendo determinadas por inúmeros genes de grande e/ou de pequeno efeito individuais e sob forte influência de fatores ambientais. A identificação dos alelos associados a essas características complexas nas populações somente foi possível a partir do desenvolvimento e da localização de marcadores moleculares polimórficos no genoma, especialmente os microsatélites e os polimorfismos de base única (SNP), permitindo a construção de mapas genéticos saturados e, conseqüentemente, o mapeamento de locos de características quantitativas (QTL). A integração dos resultados oriundos do mapeamento de QTL aos obtidos pelas estratégias de genes candidatos, estudos relacionados à expressão gênica envolvendo técnicas de PCR quantitativa, microarranjos e sequenciamento poderá permitir a dissecação e a compreensão do número, função, contribuição e localização dos genes envolvidos no controle das características quantitativas (Coutinho et al., 2010).

Identificação de genes de interesse zootécnico

O principal objetivo da análise do DNA em espécies de animais domésticos tem sido a dissecação da arquitetura genética das características de interesse econômico, determinando o número de genes e a contribuição de cada um na expressão do fenótipo. Esse objetivo, no entanto, não tem sido facilmente alcançado, especialmente porque as características de interesse são de natureza quantitativa, ou seja, controlada por vários genes, cada um contribuindo com uma parcela para o fenótipo.

Três estratégias principais têm sido utilizadas para identificar genes de interesse: mapeamento de QTL, genes candidatos e sequenciamento de DNA e mRNA, incluindo expressão gênica.

QTL

O mapeamento de QTL baseia-se na identificação de regiões cromossômicas associadas à variação genética de características de interesse econômico. Essa identificação é dependente do desenvolvimento de mapas genéticos saturados por marcadores moleculares polimórficos e de uma estrutura populacional que apresente segregação para a característica de interesse. A identificação dos marcadores microsatélites (Tautz, 1989) e dos SNP (Collins et al., 1998) permitiu o desenvolvimento de mapas ao longo de todo o genoma. Hoje, mapas genéticos saturados, juntamente com o desenvolvimento de métodos estatísticos, vêm permitindo a dissecação das características complexas de produção, com a identificação de segmentos cromossômicos que contêm genes determinantes do desenvolvimento muscular e qualidade de carne, por exemplo.

O uso da análise de segregação em famílias informativas ou cruzamentos experimentais para o mapeamento de QTL já está bem definido. Uma meta-análise indicou vinte regiões-consenso no genoma de bovinos, correspondentes às regiões contendo QTL coincidentes, mapeados em populações independentes para a mesma característica. Dentre essas regiões-consenso, duas revelaram controlar o rendimento de leite, ambas localizadas no cromossomo 6, uma a 49 cM e outra a 87 cM, explicando 4,2% e 3,6% da variação genética dessa característica, respectivamente (Khatkar et al., 2004). A primeira dessas regiões (localizada próxima ao marcador *BMI43*) foi associada a cinco características da produção de leite, sendo elas rendimento de proteína, porcentagem de proteína, rendimento de gordura, porcentagem de gordura e rendimento de leite. Para ovinos, alguns resultados foram obtidos para produção de leite (Diez-Tascón et al., 2001; Barillet et al., 2005), características de crescimento e carcaça (Walling et al., 2004) e resistência a parasitas (Davies et al., 2006). Também foram mapeados QTL para características do pelo em caprinos (Cano et al., 2007).

Em bovinos, o CattleQTLdb¹ totaliza 4.281 QTL mapeados, sendo 98 associados a características do exterior, 316 à sanidade, 907 à qualidade de carne, 1.196 à produção de leite, 947 à produção e 817 à reprodução. Em aves, 2.284 QTL foram mapeados para características relacionadas ao exterior (80), à sanidade (227), à fisiologia (103) e à produção (1874), de acordo ChickenQTLdb.² Para suínos, o PigQTLdb³ dos 5.986 QTL mapeados, 377 foram associados ao exterior, 586 à sanidade, 4.143 à qualidade da carne, 607 à produção e 273 à reprodução. A Monsanto tem genotipado mais de 4.000 SNP autossômicos em um total de aproximadamente seis mil suínos para investigar a extensão e escala do desequilíbrio de ligação (DL) no genoma suíno (Du et al., 2007), permitindo associar características de interesse com polimorfismos do DNA. Para ovinos, Walling et al. (2004) mapearam QTL para peso vivo a oito semanas e espessura de músculo e de gordura a 20 semanas, e McRae et al. (2005) identificaram QTL para peso vivo e espessura de gordura.

No Brasil, um convênio foi estabelecido entre a Embrapa Suínos e Aves e a Esalq/USP para conduzir estudos em genômica de aves.⁴ Assim, duas populações referência foram desenvolvidas para mapeamento de QTL e genes associados a características de desempenho e carcaça. Essas populações, em esquema F_2 , foram denominadas CTCT e TCTC, pois se originaram de cruzamentos recíprocos entre uma linhagem de postura (CC) e outra de corte (TT). Para a população TCTC, mapas de ligação já foram construídos (Nones et al., 2005; Ambo et al., 2008) e QTL mapeados para características de desempenho e de carcaça nos cromossomos 1 (Nones, 2004; Nones et al., 2006), 2 e 4 (Baron, 2004), 3 e 5 (Ruy, 2004), 11 e 13 (Boschiero, 2006; Boschiero et al., 2009), 19, 23, 24, 26, 27 e 28 (Ambo, 2007), 9, 10, 12, 14, 15, 16, 17 e 18 (Campos, 2007; Campos et al., 2009a). A varredura do genoma com 129 marcadores microssatélites já foi concluída para a população TCTC, em 22 cromossomos, e os resultados foram recentemente publicados por Ambo et al. (2009) para características de desem-

penho, por Campos et al. (2009b) para características de deposição de gordura e por Baron et al. (2010) para características de carcaça. Boschiero (2009) realizou o mapeamento fino de uma região no cromossomo 1 da população TCTC, bem como a análise de polimorfismos nos genes *IGF1* e *JARID1A* relacionados ao crescimento. Para a população CTCT, os trabalhos iniciais envolveram o estudo dos cromossomos 1, 3 e 4 (Rosário, 2007), descrição genotípica das populações TCTC e CTCT (Rosário et al., 2009) e construção de mapas de ligação (Rosário et al., 2010). Os cromossomos 5 (Silva et al., 2009) e 2 (Guido et al., 2009) também têm sido estudados nessa população.

Outras iniciativas brasileiras forma dadas pela Universidade Federal de Viçosa, que tem se destacado na genômica de suínos, e pela Embrapa Gado de Leite e Embrapa Pecuária Sudeste, na genômica de bovinos. É importante ressaltar que esses projetos visam mapear QTL para características de desempenho e de carcaça expressas nas condições de clima e de criação brasileiras, facilitando o desenvolvimento de marcadores para o melhoramento de características de interesse nacional.

Apesar de permitir a identificação de regiões do genoma que contêm genes de interesse, a estratégia de mapeamento de QTL tem suas limitações. O custo elevado é uma delas, pois envolve o desenvolvimento de uma população experimental com pelo menos duas gerações, que deve ser fenotipada e genotipada completamente. Também são características limitantes o custo de genotipagem para marcadores moleculares que cubram todo o genoma, o poder variável de detecção de QTL, relacionado à informatividade dos alelos dos marcadores moleculares e dos alelos do QTL, e também a herdabilidade da característica em estudo. Finalmente, a maior restrição é que a estratégia indica a região cromossômica que possivelmente contém os genes associados à característica de interesse, porém a região identificada pode conter diversos genes. Além disso, essa estratégia não define nem o número nem os efeitos exatos desses genes sobre a característica quantitativa.

Mesmo assim, o mapeamento de QTL foi fundamental para a identificação de genes responsáveis por características de interesse em animais domésticos, entre eles o *diacylglycerol O-acetyltransferase* (DGAT1), que controla a composição e produção de leite em bovinos (Grisart et al., 2002), e *miostatina*, que controla o desenvolvimento muscular em bovinos (Grobet et al., 1997) e ovinos (Cloup et al., 2006).

Genes candidatos

Outra estratégia de associação de genes com características de interesse econômico na produção animal é o estudo de genes candidatos. Esses são genes de ação biológica conhecida e que estão envolvidos com o desenvolvimento ou a fisiologia de uma característica de interesse econômico (Bryne & McMullen, 1996). Alguns exemplos bem-sucedidos da aplicação dessa estratégia são os genes *halotano* e *RN*, relacionados à qualidade de carne em suínos (De Vries et

al., 1998), e *miostatina*, associado à formação da musculatura dupla em bovinos (Grobet et al., 1997). Um total de 13 SNP foi associado a quatro genes relacionados à qualidade da carne e da carcaça em bovinos (Haegeman et al., 2005). As mutações identificadas nos genes que codificam a calpaína e a calpastatina são hoje comercialmente utilizadas para a seleção de animais para melhor maciez de carne. Outros exemplos podem ser encontrados para bovinos, suínos, aves e ovinos em Dekkers (2004).

A principal limitação da aplicação dessa estratégia é que somente uma pequena proporção dos genes que controlam características quantitativas é conhecida. Dificuldades também existem no estabelecimento definitivo do efeito do gene candidato, pois a identificação da variante causal para um gene de efeito menor pode não ser facilmente determinada.

Sequenciamento de DNA e de mRNA

A habilidade de identificar genes por sequenciamento de genomas e de RNA mensageiros (mRNA), determinado pelas etiquetas de sequências expressas (EST) (Adams et al., 1991; detalhado por Hatey et al., 1998), promete ultrapassar algumas das limitações técnicas das estratégias anteriores. A informação da sequência genômica favorece a compreensão de como a variação genética influencia a característica de interesse, por permitir mapear essa característica em local preciso no genoma (Schmutz & Grimwood, 2004). Mapas genéticos saturados, contendo inúmeros marcadores microssatélites e SNP, e mapas de haplótipos contendo QTL mapeados terão correspondência direta com a sequência do genoma em populações comerciais e experimentais. Genes candidatos poderão ser identificados diretamente no organismo e no tecido-alvo, e o ressequenciamento dos intervalos de QTL, para a identificação da(s) mutação(ões) causal(is) influenciadora(s), também será facilitado.

Coleções de EST vêm sendo estabelecidas para os tecidos de interesse econômico de diversas espécies domésticas. O banco para a galinha doméstica, por exemplo, conta com mais de 599.000 EST (revisados por Fadiel et al., 2005). A coleção de EST obtidas para bovinos (*Bos taurus*), depositada no NCBI (dbEST), já totaliza mais 1.315.093 e para suínos (*Sus scrofa*) mais 641.896.

Além de permitir obter a sequência e a posição dos genes no genoma, essas coleções de sequências de DNA e mRNA são ainda base para a construção de plataformas de microarranjos, desenvolvidas para estudos de análise do padrão de expressão gênica em larga escala. Essa estratégia baseia-se na hipótese de que organismos com características fenotípicas divergentes apresentam expressão diferencial de genes relacionados a essas características. A visão global da expressão gênica fornece a compreensão de mudanças temporais e espaciais na atividade gênica durante o desenvolvimento celular e diferenciação, que contribui para a identificação de genes específicos ou de expressão diferenciada em raças ou linhagens distintas. Esses arranjos representam, portanto, ferramentas fundamentais para a determinação das funções biológicas de genes pelo padrão de expressão

tecido-específico e, conseqüentemente, para complementar as informações biológicas obtidas pelo mapeamento de QTL e pelos projetos de sequenciamento, a fim de promover a identificação dos genes associados a características complexas, como as de interesse econômico (Andersson & Georges, 2004).

Essa estratégia, no entanto, também apresenta suas limitações. Os microarranjos exigem o conhecimento prévio da seqüência do gene impresso à plataforma, o que limita a disponibilidade dos arranjos para todas as espécies de interesse. A hibridização cruzada entre transcritos e seqüências-alvo (causada pela duplicação de genes) e a restrita sensibilidade dos arranjos de EST para transcritos pouco frequentes, pobremente representados nas bibliotecas e normalmente genes regulatórios importantes, também são fatores limitantes dessa estratégia. Mais importante, os arranjos contribuem para identificar vias metabólicas associadas à característica de interesse, mas não o gene responsável.

Uma vantagem obtida com o sequenciamento de genomas é a identificação em larga escala de SNP. Esses têm permitido o desenvolvimento de novas metodologias e estratégias para o mapeamento de genes de interesse, pois são marcadores extremamente úteis para promover o mapeamento fino, cujo objetivo é delimitar a menor região genômica que contém um QTL (Carlson et al., 2004).

O frango foi a primeira espécie de animal doméstico a ter a seqüência do genoma publicada (Hillier et al., 2004). A seqüência do genoma de 1,25 Gpb foi obtida a partir do DNA proveniente de uma única fêmea de *Gallus gallus* (Red Jungle Fowl), o ancestral da galinha doméstica. Já em 2007, foi publicado o mapa físico do genoma bovino com a contribuição de mais de 20 grupos de pesquisa de oito países (Austrália, Brasil, Canadá, Escócia, Estados Unidos, França, Itália e Nova Zelândia) ao longo de cinco anos. Esse mapa genético foi constituído por um grande banco de dados contendo 422.000 seqüências de DNA e mais de 17.000 marcadores.⁵ Finalmente, a seqüência do genoma bovino, oriunda de uma fêmea da raça Hereford, foi publicada por Elsik et al. (2009).

Em frangos, mais de 2,8 milhões de SNP foram identificados a partir da comparação da seqüência do genoma do ancestral (*Gallus gallus*) com seqüências obtidas para três linhagens domesticadas: um macho de corte (White Cornish), uma fêmea de postura (White Leghorn) e outra fêmea de uma espécie ornamental (Silkie chinesa) (Wong et al., 2004). Groenen et al. (2009) publicaram o primeiro mapa de ligação com 8.599 SNP. Em bovinos, foram identificados e validados 35 mil marcadores SNP que possibilitaram a construção do mapa haplotípico bovino (*hapmap bovino*) (Gibbs et al., 2009). Mais recentemente, painéis de 50 mil e 770 mil foram disponibilizados comercialmente.

Assim, avanços importantes têm sido alcançados na genotipagem de animais com o uso de *chips* de SNP, com plataformas já disponíveis para a detecção de milhares de SNP simultaneamente. Esses *chips* de SNP devem promover uma

revolução na genômica animal, por permitirem a varredura do genoma de uma população experimental para milhares de SNP ao mesmo tempo, a um custo menor e de maneira mais rápida, em comparação ao que vem sendo feito hoje com o uso de microssatélites. Dessa forma, será possível lançar mão da chamada seleção genômica.

Seleção genômica

De acordo com Grattapaglia (2010), a estratégia de seleção genômica envolve a seleção simultânea para milhares de marcadores de forma que a maioria dos genes ou regiões genômicas envolvidas no controle das várias características quantitativas estarão em desequilíbrio de ligação com um ou mais marcadores genotipados. Essa abordagem, baseada exclusivamente em marcadores, apresenta algumas vantagens: não exige prévio descobrimento de QTL, apresenta alta acurácia seletiva, evita estimativas viesadas de efeitos de genes e/ou QTL individuais, computa toda a variação devida a locos de pequeno efeito, contempla com eficiência características de baixa herdabilidade e permite a aplicação dos modelos de predição a todas as famílias do programa de melhoramento.

Um exemplo do emprego da seleção genômica foi anunciado em janeiro de 2009 pelo Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (Usda), que realizou a avaliação genômica de touros da raça Holandesa. Inicialmente, foram genotipados 5.800 touros provados de centrais de inseminação artificial, sendo 4.422 touros da raça Holandesa, 1.149 touros Jersey e 228 touros Pardo Suíço. Atualmente, o número de animais genotipados ultrapassa os 20.000. Essas genotipagens empregaram o Illumina Bovine SNP50 BeadChip. Esse teste permitiu genotipar os touros para 58 mil marcadores moleculares, dos quais 39.835 tiveram relações com características econômicas.⁶

Mas como isso funciona na prática? Até o último sumário de 2008, os touros jovens apresentavam entre 35%-40% de confiabilidade para as características de produção baseados apenas em *pedigree*. Desde janeiro de 2009, os touros jovens apresentam um acréscimo nos padrões de confiabilidade de suas provas graças às avaliações genômicas. Essas avaliações elevaram a confiabilidade das características de produção para 65%-70%. A confiabilidade para as características de tipo cresceu de 30%-35% para 60%-65% e das características de saúde aumentaram de 25%-30% para 55%-60%. Portanto, com as avaliações genômicas, as provas desses touros jovens apresentam o dobro da confiabilidade anterior, quando era utilizada apenas a avaliação genética baseada exclusivamente no fenótipo.⁷

Outro exemplo foi anunciado pelo grupo CRV, que comanda no Brasil a CRV Lagoa, central genética com sede em Sertãozinho (SP). Essa empresa aplicará diversas mudanças na seleção dos touros jovens que participam do programa InSire, incluindo o aumento em sua seleção dos atuais 1.300 para 2.600 animais a partir de 1º de setembro de 2010, mediante a inclusão da informação obtida diretamente do DNA em seu programa de melhoramento genético.⁸

Aplicações da biotecnologia animal no melhoramento

A genômica vem contribuindo para o avanço da biotecnologia animal desde a década de 1990. O exemplo mais marcante dessa contribuição foi demonstrado com o gene *halotano* na suinocultura, que está associado a uma maior deposição de músculo na carcaça, mas com maior propensão à produção de uma carne PSE (pálida, mole e exsudativa) (De Vries et al., 1998; Bridi et al., 2006). No passado, o teste para a identificação dos animais livres dessa síndrome era feito com o uso do anestésico halotano, por um método trabalhoso e que não permitia diferenciar os animais homozigóticos normais dos portadores da mutação na população. A identificação da mutação causal dessa condição permitiu o desenvolvimento de um teste genético simples, que permite, a partir de uma amostra de pelo do animal, identificar os indivíduos normais, heterozigóticos e recessivos, facilitando o estabelecimento de linhagens livres dessa mutação (Fujii et al., 1991). Hoje, praticamente todos os suínos em programas de melhoramento são testados para essa mutação.

Outro exemplo foi a identificação de uma mutação no gene *miostatina*, responsável pela característica de maior desenvolvimento muscular (dupla musculatura) em animais das raças de bovinos de corte Belgian Blue e Piedmontese. As bases genéticas do fenótipo foram exploradas levando à identificação de várias mutações no gene *miostatina* (McPherron & Lee, 1997; Grobet et al., 1997). Essas mutações resultam em proteínas não funcionais que levam a um aumento significativo da massa muscular do animal (~ 30%), do peso ao nascimento e da eficiência alimentar, e esse aumento da massa muscular deriva especialmente de efeito de hiperplasia (aumento no número de fibras). Entretanto, esse fenótipo também apresenta prejuízos relacionados à diminuição da quantidade de gordura intramuscular (marmoreio), da fertilidade das fêmeas e da tolerância a estresse (Potts et al., 2003), não havendo, portanto, interesse em fixar esses alelos em algumas raças. Os marcadores moleculares têm sido úteis na identificação direta dessa mutação por meio da genotipagem da população de animais. A obtenção prévia desses genótipos orienta acasalamentos e transferências de embriões no plantel disponível para o melhoramento.

Exemplos em outras espécies: marcadores de DNA no gene *ESR* (receptor do estrogênio) em suínos foram associados ao número de leitões nascidos vivos e ao total de leitões nascidos vivos na primeira e última partições (Alfonso, 2005). Em ovinos, na raça Booroola Merino, o gene *BM^{PR}-IB* foi relacionado à fecundidade, e, nas raças Invedale e Hanna, o gene *BMP15* foi associado à ovulação (Liu et al., 2003). Exemplos adicionais podem ser encontrados em Dekkers (2004).

Contribuições na avaliação da qualidade de carne em bovinos de corte por mutações nos genes que determinam as características de maciez e marmoreio têm sido divulgadas. A maciez é determinada pela ação das enzimas do complexo calpaína-calpastatina, que atuam na musculatura após o abate do animal

(Koochmaraie et al., 1995). As calpaínas contribuem com a maciez da carne porque são endopeptidases intracelulares capazes de degradar proteínas das miofibrilas que constituem o músculo (Wheeler & Koochmaraie, 1994). A atividade das calpaínas é inibida pela ação das calpastatinas, que apresentam, portanto, papel repressor da maciez (Pringle et al., 1997). Já o marmoreio é resultado da deposição de gordura intramuscular, promovendo sabor e suculência à carne. Polimorfismos nos genes que codificam μ -calpaína (Page et al., 2002; White et al., 2005), lisil oxidase e calpastatina (Barendse, 2001; Drinkwater et al., 2006) têm sido detectados e associados à maciez, especialmente em animais das raças de *Bos taurus* (Barendse, 2001, 2003; Barendse et al., 2004). Para marmoreio, os genes associados têm sido aqueles que codificam a leptina (Buchanan et al., 2002), DGAT1 (Thaller et al., 2003), TG (Barendse et al., 2004), RORC (Barendse, 2003), GHI (Schlee et al., 1994), SCD, mitocôndria (Mannen et al., 1998, 2003), fator de transcrição mitocondrial A (Jiang et al., 2005) e FABP4 (Michal et al., 2006).

Apesar de diversos resultados relacionados à genômica em bovinos de corte serem ainda experimentais, diversos testes comerciais de DNA vêm sendo disponibilizados no mercado para avaliação da qualidade de carne (Hocquette et al., 2007). Como exemplo, podem ser mencionados os testes genéticos para maciez por empresas privadas, como a IGENITY TenderGENE® test (Merial Ltd., Atlanta, GA) e a GeneSTAR Quality & Tenderness® (Genetic Solutions Pty. Ltd. Albion, Austrália). Entretanto, muitos desses testes estão sendo empregados em estudos independentes para confirmação da associação de polimorfismos de SNP com maciez e marmoreio (Page et al., 2004; Casas et al., 2006; Morris et al., 2006; Rincker et al., 2006), mas nem todos têm sido validados, tornando ainda mais difícil o trabalho para que a genômica expanda as fronteiras.

Um grande desafio na aplicação de alguns dos polimorfismos inicialmente associados à maciez de carne foi a transferência das informações que foram originalmente obtidas em *Bos taurus* para *Bos indicus*, já que esses são animais que apresentam carne reconhecivelmente de menor maciez quando comparada às raças taurinas. Polimorfismos identificados no gene μ -calpaína (*CAPNI*), por exemplo, apresentaram diversidade entre genótipos de *Bos taurus*, mas não em *Bos indicus* (Page et al., 2002, 2004; Casas et al., 2005). Há uma série de SNP dentro ou muito perto desse gene e dois parecem ser informativos em *Bos indicus* e *Bos taurus* (posição 316 e 4753 pb), mas um SNP a 530 pb parece ser informativo somente em *Bos taurus*.

O marmoreio é uma característica mais difícil de ser trabalhada do que a maciez, já que sua avaliação é feita por inspeção visual da carcaça, e, portanto, trata-se de uma medida subjetiva com um erro associado consideravelmente maior em relação à maciez. Isso requer grandes amostras de animais para que a média seja estimada apropriadamente. Os estudos que têm avaliado menos do que mil animais não permitem confirmar uma associação entre marcadores de

DNA e maciez (Hocquette et al., 2007). Salienta-se que uma parceria entre a Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, e a empresa Merial® tem avaliado diversos marcadores moleculares em *Bos indicus* no Brasil. Esses marcadores já foram previamente associados com maciez e marmoreio em *Bos taurus*. Outro exemplo brasileiro tem sido dado por meio do projeto Beef Quality, coordenado por diversas unidades da Embrapa e universidades brasileiras.

Muitos têm sido os esforços para aumentar a eficiência reprodutiva do rebanho bovino brasileiro, caracterizado por baixas taxas de prenhez e altas taxas de mortalidade dos embriões. Características reprodutivas permitem a seleção de animais precoces, possibilitando maior intensidade de seleção e, conseqüentemente, maior eficiência do sistema produtivo. Em Nelore, por exemplo, os bezerros nascem com a vaca apresentando entre 2,5-3,0 anos de vida, uma desvantagem em relação aos dois anos das raças europeias. No Brasil, existem animais com capacidade genética, mas que são afetados por condições ambientais distintas de alimentação e manejo, dificultando a sua seleção. A avaliação genética de muitas características de reprodução é difícil de ser realizada acuradamente. Além disso, a herdabilidade das características associadas à fertilidade é considerada baixa (entre 2% e 15%), apesar de que estudos recentes em Nelore revelaram alta herdabilidade para precocidade sexual (Silva et al., 2005).

Assim, duas estratégias têm sido utilizadas na tentativa de associar marcadores moleculares com características de fertilidade: mapeamento de QTL e genes candidatos. Os QTL já foram mapeados para características de fertilidade, incluindo: taxa de ovulação e ovulação múltipla (Kappes et al., 2000) e geração de gêmeos (Lien et al., 2000). Os genes que codificam o hormônio liberador de gonadotropina (Schneider et al., 2006), a leptina (Liefers et al., 2005) e o receptor para o hormônio luteinizante bovino (Hastings et al., 2006) têm sido investigados como genes candidatos para características de fertilidade. O gene *leptina* tem sido associado com características relacionadas à reprodução por codificar um hormônio que participa da regulação do metabolismo energético, comportamento no consumo de alimentos e reprodução em muitos animais, além de participar de outros eventos, inclusive a puberdade. É considerado um gene candidato por sua conhecida relação com a massa de tecido adiposo no corpo e puberdade. Os níveis de leptina no sangue estão relacionados com os níveis de gordura corporal do animal: bovinos pré-púberes desnutridos não entram na puberdade até que sejam nutridos corretamente; da mesma forma, vacas ciclando param de ciclar quando enfrentam períodos de desnutrição extremos. Portanto, a proteína codificada a partir do gene *leptina* age como fator no sistema de reprodução. Polimorfismos nesse gene poderiam influenciar a regulação do metabolismo e afetar o ganho de peso, e essas mutações poderiam ser utilizadas em programas de melhoramento genético. Algumas mutações nesse gene

já foram identificadas em bovinos (Choudhary et al., 2005; Buchanan et al., 2002) e estudos de expressão gênica também indicaram uma associação entre a alta expressão deste gene com a baixa expressão do *receptor NPY* e a ativação da puberdade precoce em novilhas de *Bos indicus* (Vaiciunas et al., 2008). Mas, até o momento, nenhum marcador molecular foi desenvolvido para permitir a seleção por genotipagem visando à precocidade sexual.

Outros genes candidatos associados à fertilidade têm sido investigados por genômica funcional com foco na maturação de oócitos (Dalbies-Tran & Mermillod, 2003; Vallee et al., 2005; Massicotte et al., 2006), regressão do corpo lúteo (Casey et al., 2005; Bønsdorff et al., 2003), função das células do epitélio do oviduto (Bauersachs et al., 2003, 2004), endométrio durante o ciclo estral (Bauersachs et al., 2005), desenvolvimento de embrião pré-implantado (El-Halawany et al., 2004; Sirard et al., 2005). Como resultado dessa estratégia, espera-se identificar genes ou vias gênicas, que, no momento e local apropriados, regulam a fertilidade das fêmeas.

Outra contribuição importante em bovinos reside na resistência a ecto e endoparasitos. O clamor pela redução do uso de produtos químicos utilizados para combater esses parasitos já vem sendo amplamente divulgado, pois, assim, será menor a possibilidade de contaminação da carne e derivados, bem como do meio ambiente. Além disso, o uso sistemático de tais produtos pode conferir ao parasita resistência aos princípios ativos.

Os QTL sugestivos foram mapeados para resistência a carrapato [*Rhipicephalus (Boophilus) microplus*] nos cromossomos 5, 7 e 14 em uma população constituída por F₂ do cruzamento *Bos taurus* (Holandês) x *Bos indicus* (Gir) (Gasparin et al., 2007), e a expressão de genes envolvidos na resposta imune a endoparasitas gastrointestinais (*Cooperia*, *Haemonchus* e *Oesophagostomum*) por meio de PCR quantitativa foram realizadas em *Bos indicus* (Nelore) por Bricarello et al. (2008). Essas pesquisas visam identificar os genes que controlam a resistência a ecto e endoparasitos, permitindo selecionar bovinos geneticamente mais resistentes. Provavelmente, isso reduzirá o uso de medicamentos e produtos químicos contra parasitas, a favor de uma carne mais saudável, livre dos resíduos químicos, diminuindo, dessa forma, barreiras sanitárias impostas pelo comércio internacional de carne bovina.

Pesquisas têm sido conduzidas com a finalidade de refinar a localização de um QTL previamente identificado por meio do mapeamento fino em aves. Kim et al. (2006) utilizaram oito marcadores microssatélites adicionais localizados no GGA1 para o mapeamento fino numa amostra de 314 aves F₂, oriundas de um cruzamento de duas linhagens comerciais de frangos de corte com diferentes suscetibilidades a coccidiose. Foi detectada a associação do marcador *LEI0101* com resistência à doença (LOD>2,7) e também no intervalo entre os marcadores *LEI0071* e *LEI0101* (a 254 cM) quando foram analisadas quatro e não doze famílias (LOD=3,74).

Numa região de 50,8 cM (*LEI0079-ROS0025*) no GGA1, onde foram mapeados QTL para peso vivo, peso da carcaça e características de gordura, nove microssatélites foram adicionados e analisadas mais oito famílias de uma população F₂ oriundas de cruzamento entre uma linhagem de corte selecionada para deposição de gordura abdominal e uma linhagem de postura nativa chinesa, totalizando doze famílias de meios-irmãos (1.011 animais) e doze marcadores (Liu et al., 2008). Foram confirmados os QTL mapeados anteriormente, alguns com menores intervalos de confiança. A partir de estudos anteriores em que foram mapeados 15 QTL associados com resistência à doença de Marek em galinhas, Heifetz et al. (2009) utilizaram seis gerações de uma população derivada do cruzamento entre duas linhagens comerciais White Leghorn (total de 1.615 indivíduos). Foram utilizados 217 marcadores microssatélites e 15 SNP, identificando 21 regiões de QTL associadas com resistência à doença de Marek em diferentes cromossomos (GGA1, 2, 3, 4, 5, 8, 9, 15, 18, 26 e Z). As regiões onde foram mapeados os QTL tiveram os intervalos de confiança reduzidos cerca de duas vezes em comparação com o estudo anterior.

Pela estratégia de genes candidatos, Ledur et al. (2007) compilaram, porém, diversos trabalhos que associaram polimorfismos em genes candidatos com características de interesse econômico. Segundo esses autores, características de crescimento foram associadas a polimorfismos nos genes *greлина* (Fang et al., 2007), *lambr1* (Huang et al., 2007), *hormônio do crescimento* e seu *receptor* (Feng et al., 1997), *MC3R* (Jiang et al., 2002), *MC4R* (Qiu et al., 2006), *IGF-II* (Yan et al., 2002), *TGF-β* (Li et al., 2002), *miostatina* (Gu et al., 2002; Ye et al., 2007); deposição de gordura abdominal foi associada a polimorfismos nos genes *hormônio do crescimento* e seu *receptor* (Feng et al., 1997), *UCP* (Zhao et al., 2002), *PPARA* (Meng et al., 2002); consumo alimentar residual foi associado a polimorfismos no gene *PEPCK-C* (Parsanejad et al., 2003). Wu et al. (2006) evidenciaram que o peso de gordura abdominal a 12 semanas de aves com genótipo GG foi 34,26% e 28,71% maior do que aquele de aves com genótipos AA e AG, respectivamente, indicando que o polimorfismo *Asp216Asn* do gene *PPARGC1A* poderia ser usado como um novo potencial marcador molecular para seleção contra gordura abdominal sem interferir no melhoramento para taxa de crescimento. Zheng et al. (2009) determinaram maiores níveis de expressão do gene *FGFR2* em aves de postura em relação às de corte, embora a expressão de *FGF2* não tenha sido significativamente diferente.

Outros exemplos foram dados por Zhang et al. (2009), que identificaram dois SNP no gene *calpaína 3* em galinhas. Os haplótipos foram construídos, e, em seguida, fizeram-se as análises de associação dos genótipos dos SNP, haplótipos e dos diplótipos com as características avaliadas. Foram encontradas diversas associações dos genótipos, haplótipos e diplótipos com peso vivo, peso da carcaça, peso do músculo do peito e peso do músculo das pernas. Nie et al. (2005) estudaram polimorfismos do gene *hormônio do crescimento* em frangos

e encontram associações com peso corporal, ganhos de peso e comprimento da canela. Em nosso grupo, Souza (2004) estudou polimorfismos em cinco genes relacionados ao desenvolvimento muscular (*MyoD*, *Myf5*, *miogenina*, *MRF4* e *miostatina*) nas linhagens parentais da população da Embrapa e encontrou associações do gene *miogenina* com peso vivo aos 42 dias, ganho de peso e pesos da carcaça, asas, gordura abdominal, fígado e pulmões. Ninov et al. (2008) investigaram os polimorfismos do gene *receptor da leptina* na mesma população e encontraram seis polimorfismos, sendo dois deles na linhagem TT (corte) e quatro com maior frequência na linhagem CC (postura). Dois SNP do gene *receptor da leptina* foram associados com diversas características. O SNP *C352T* foi associado com proteína bruta e cinzas e rendimento de fígado, peito e carcaça. O SNP *G915A* foi associado com consumo de ração, rendimento de pulmões e coxas e sobrecoxas.

Nie et al. (2005) estudaram os polimorfismos do gene *hormônio do crescimento* em frangos e encontraram associações entre peso corporal e ganho de peso com o gene candidato estudado. Wang et al. (2005) estudaram o gene *IGF2* em frangos e identificaram um polimorfismo associado com peso da gordura abdominal, peso ao nascer e peso de peito. Zhou et al. (2005) identificaram polimorfismos no gene candidato *IGF1*, associados com crescimento, características metabólicas, composição corporal e integridade óssea. Um polimorfismo na região promotora do gene *IGF1* foi associado com a maioria das características estudadas.

A análise da expressão gênica mediante técnica de microarranjo também tem contribuído para o melhoramento animal. Essa técnica permite que se determine a expressão diferencial de milhares de genes em um único experimento. Já é possível encontrar alguns resultados do uso dessa estratégia para a identificação de genes candidatos associados à qualidade da carne em bovinos. Por exemplo, um microarranjo contendo 9.274 transcritos expressos nos tecidos muscular e adiposo de bovinos foi desenvolvido (Lehnert et al. 2004) e utilizado para identificar diferenças na expressão de genes na musculatura de animais da raça Brahman sobre restrição alimentar (Reverter et al., 2003; Byrne et al., 2005); para estudar os mecanismos envolvidos com adipogênese *in vitro* em fibroblastos em diferenciação (Tan et al., 2006); e para investigar genes diferencialmente expressos entre as musculaturas de animais da raça Black japonesa e Holandesa (Wang et al., 2005). Um microarranjo contendo 5.500 transcritos identificados na musculatura de fetos e de suínos com três dias de idade também foi construído para detecção de diferenças do perfil de expressão entre *psaos* (musculatura vermelha) e *Longissimus dorsi* (musculatura branca) (Bai et al., 2003). Em frangos, Cogburn et al. (2003) identificaram genes diferencialmente expressos em fígado de linhagens submetidas à seleção divergente para ganho de peso, enquanto estudos conduzidos por Bourneuf et al. (2006) permitiram identificar genes expressos no fígado e que estão associados à deposição de gordura. Ainda para frangos, um microarranjo foi construído a partir de 32.773 transcritos

obtidos em múltiplos tecidos e estádios do desenvolvimento, correspondentes a 28 mil genes de frango (Burnside et al., 2005⁹), que poderá ser utilizado para a identificação de genes associados à qualidade da carne branca.

Outro microarranjo foi construído a partir de 6.887 transcritos associados à resposta imune inata, tendo sido utilizado para caracterizar os padrões de expressão de genes envolvidos no controle de doenças, tanto em bovinos quanto em ovinos (Donaldson et al., 2005). Um total de 45.383 genes identificados na glândula mamária e no sistema digestivo de bovinos também resultaram na construção de um microarranjo, que foi utilizado para a identificação de genes associados à resposta ao estrogênio (Li et al., 2006). Utilizando um microarranjo de oligonucleotídeos de bovinos, Ollier et al. (2007) identificaram 161 genes diferencialmente expressos na glândula mamária, envolvidos no metabolismo da proteína do leite, lactose e lipídios, entre um grupo de caprinos com privação alimentar e outro grupo sem restrições alimentares. Em ovinos, Diez-Tascón et al. (2001) detectaram diferenças na expressão de genes envolvidos na resistência de nematódeos por microarranjos contendo 10.204 genes de bovinos. Fahrenkrug (2007) reportou a construção de um microarranjo contendo 20.400 oligonucleotídeos, sintetizados com base na anotação de proteínas de suínos.

Diante do exposto, as diversas estratégias têm permitido uma melhor compreensão do complexo sistema biológico envolvido desde a concepção até a expressão do fenótipo final dos animais de produção.

Perspectivas

A biotecnologia animal, pelo emprego de marcadores moleculares, tem possibilitado que os programas de melhoramento genético de animais de produção comercial usufruam das tecnologias já desenvolvidas. Dessa forma, novas fontes de informação molecular vêm sendo estabelecidas para o mapeamento de QTL, incluindo o sequenciamento do genoma, o qual facilitará ainda mais a identificação dos alelos específicos e favoráveis ao melhoramento genético. Associada a esse cenário, a seleção genômica também já é uma realidade, pois painéis de SNP vêm sendo desenvolvidos para promover a genotipagem em larga escala. A empresa Illumina já disponibiliza um painel com 800 mil SNP para bovinos e de 60 mil SNP para aves.

O rápido progresso no descobrimento de padrões da variação genética que podem prever o desempenho animal pode, portanto, ser esperado a partir de esforços internacionais e nacionais. Os painéis de SNP devem promover uma revolução na genômica animal, por permitirem a varredura do genoma para milhares de SNP ao mesmo tempo, a um custo menor e de maneira mais rápida, comparado ao que vem sendo feito hoje com o uso de microssatélites.

Dessa forma, será possível a inclusão não apenas da informação de um ou poucos SNP na predição do valor genético de cada animal, mas sim de milhares de SNP que apresentem associação com diversas características que se tenha interesse em melhorar, por apresentarem algum grau de correlação genética. Essa

é uma visão mais ampla do complexo sistema biológico envolvido no estabelecimento de padrões fenotípicos, tais como maior produção de carne, de leite, de ovos, entre outros.

Assim, associada à seleção genômica, a tendência será a aplicação da estratégia de biologia de sistemas no melhoramento animal. A biologia de sistemas surgiu a partir dos resultados de sucesso das estratégias genômicas, como resultado da biotecnologia animal, e tem como objetivo desenvolver métodos estatísticos e analíticos capazes de associar todas as informações obtidas a partir de genômica, biologia computacional, química, espectrometria de massa, entre outras.

Finalmente, a seleção genômica e a biologia de sistemas associadas às estratégias clássicas de melhoramento de seleção fenotípica e genotipagem deverão resultar em uma aplicação mais abrangente das ferramentas de análise do DNA, RNA, proteínas em melhoramento genético animal, na busca pela maior eficiência dos sistemas de produção animal.

Notas

- 1 Disponível em: <<http://www.animalgenome.org/QTLdb/cattle.html>>. Acesso em: 21 set. 2010.
- 2 Disponível em: <<http://www.animalgenome.org/QTLdb/chicken.html>>. Acesso em: 21 set. 2010.
- 3 Disponível em: <<http://www.animalgenome.org/QTLdb/pig.html>>. Acesso em: 21 set. 2010.
- 4 Disponível em: <<http://www.cnpsa.embrapa.br/genomafrango/genomafrango.html>>.
- 5 Disponível em: <<http://www.bovinegenome.org>>.
- 6 Disponível em: <<http://www.semeia.com.br/site/artigo.php?ID=115&IDC=3>>.
- 7 Disponível em: <<http://www.semeia.com.br>>.
- 8 Disponível em: <<http://www.gazetadigital.com.br>>.
- 9 Disponível em: <<http://www.affymetrix.com/products/arrays/specific/chicken.affx>>.

Referências

ADAMS, M. D. et al. Complementary DNA sequencing: expressed sequence tags and human genome project. *Science*, v.252, p.1651-6, 1991.

ALFONSO, L. Use of meta-analysis to combine candidate gene association studies: application to study the relationship between the ESR *PvuII* polymorphism and sow litter size. *Genetics Selection Evolution*, v.37, p.417-35, 2005.

AMBO, M. *Mapeamento de locos de características quantitativas (QTLs) associados a desempenho nos cromossomos 19, 23, 24, 26, 27 e 28 de Gallus gallus*. Piracicaba, 2007. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

- AMBO, M. et al. Genetic linkage maps of chicken chromosomes 6, 7, 8, 11 and 13 from a Brazilian resource population. *Scientia Agricola*, v.65, p.447-52, 2008.
- _____. Quantitative trait loci for performance traits in a broiler x layer cross. *Animal Genetics*, v.40, p.200-8, 2009.
- ANDERSSON, L.; GEORGES, M. Domestic-animal genomics: deciphering the genetics of complex traits. *Nature Reviews Genetics*, v.5, p.202-12, 2004.
- BAI, Q. et al. Development of a porcine skeletal muscle cDNA microarray: analysis of differential transcript expression in phenotypically distinct muscles. *BMC Genomics*, v.4, p.8, 2003.
- BARENDSE, W. DNA markers for meat tenderness. Patent WO02064820. 2001. Disponível em: <<http://ep.espacenet.com/>>.
- _____. DNA markers for marbling. Patent WO2004070055. 2003. Disponível em: <<http://ep.espacenet.com/>>.
- BARENDSE, W. et al. The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle. *Australian Journal Experimental Agriculture*, v.44, p.669-74, 2004.
- BARILLET, F. et al. Mapping quantitative trait loci for milk production and genetic polymorphism of milk proteins in dairy sheep. *Genetics Selection Evolution*, v.37, p.S109-S123, Supl.1, 2005.
- BARON, E. E. *Identificação de QTLs nos cromossomos 2 e 4 que controlam características de desempenho e carcaça em aves (Gallus gallus)*. Piracicaba, 2004. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- BARON, E. E. et al. QTL for percentage of carcass and carcass parts in a broiler x layer cross. *Animal Genetics*, doi: 10.1111/j.1365-2052.2010.02105.x. 2010.
- BAUERSACHS, S. et al. Regulation of ipsilateral and contralateral bovine oviduct epithelial cell function in the postovulation period: a transcriptomics approach. *Biology of Reproduction*, v.68, p.1170-7, 2003.
- _____. Monitoring gene expression changes in bovine oviduct epithelial cells during the oestrous cycle. *Journal of Molecular Endocrinology*, v.32, p.449-66, 2004.
- _____. Gene expression profiling of bovine endometrium during the oestrous cycle: detection of molecular pathways involved in functional changes. *Journal of Molecular Endocrinology*, v.34, p.889-908, 2005.
- BØNSDORFF, T. et al. Identification and physical mapping of genes expressed in the corpus luteum in cattle. *Animal Genetics*, v.34, p.325-33, 2003.
- BOSCHIERO, C. *Mapeamento de locos de características quantitativas associados a desempenho e carcaça nos cromossomos 11 e 13 de Gallus gallus*. Botucatu, 2006. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- _____. *Mapeamento fino de QTLs e polimorfismos de genes candidatos associados ao crescimento no cromossomo 1 da galinha*. Botucatu, 2009. Tese (Doutorado) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- BOSCHIERO, C. et al. Associations between microsatellite markers and traits related

- to performance, carcass and organs in chickens. *International Journal of Poultry Science*, v.8, p.615-20, 2009.
- BOURNEUF, E. et al. Microarray analysis of differential gene expression in the liver of lean and fat chickens. *Gene*, v.372, p.162-70, 2006.
- BRICARELLO, P. A. et al. Immunological responses and cytokine gene expression analysis to *Cooperia punctata* infections in resistant and susceptible Nelore cattle Source. *Veterinary Parasitology*, v.155, p.95-103, 2008.
- BRIDI, A. M. et al. Efeito do genótipo halotano, da ractopamina e do sexo do animal na qualidade da carne suína. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.35, p.2027-33, 2006.
- BRYNE, P. F.; MCMULLEN, M. D. Defining genes for agricultural traits: QTL analysis and the candidate gene approach. *Probe*, v.7, p.24-7, 1996.
- BUCHANAN, F. C. et al. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. *Genetics Selection Evolution*, v.34, p.105-16, 2002.
- BURNSIDE, J. et al. Development of a cDNA array for chicken gene expression analysis. *BMC Genomics*, v.6, p.13, 2005.
- BYRNE, K. A. et al. Gene expression profiling of muscle tissue in Brahman steers during nutritional restriction. *Journal of Animal Science*, v.83, p.1-12, 2005.
- CAMPOS, R. L. R. Mapeamento de QTL nos cromossomos 9, 10, 12, 14, 15, 16, 17 e 18 da galinha doméstica (*Gallus gallus*) que influenciam características de desempenho. Piracicaba, 2007. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- CAMPOS, R. L. R. et al. Potential association between microsatellite markers on chicken chromosomes 6, 7 and 8 and body weight. *International Journal of Poultry Science*, v.8, p.696-9, 2009a.
- _____. Quantitative trait loci associated with fatness in a broiler-layer cross. *Animal Genetics*, v.40, p.729-36, 2009b.
- CANO, E. M. et al. QTL affecting fleece traits in Angora goats. *Small Ruminant Research*, v.71, p.158-64, 2007.
- CARLSON, C. S. et al. Mapping complex disease loci in whole-genome association studies. *Nature*, v.429, p.446-52, 2004.
- CASAS, E. et al. Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29 for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle. *Journal of Animal Science*, v.83, p.13-9, 2005.
- _____. Effects of calpastatin and μ -calpain markers in beef cattle on tenderness traits. *Journal of Animal Science*, v.84, p.520-5, 2006.
- CASEY, O. M. et al. Analysis of gene expression in non-regressed and regressed bovine *corpus luteum* tissue using a customized ovarian cDNA array. *Theriogenology*, v.64, p.1963-76, 2005.
- CHOUDHARY, V. et al. DNA polymorphism of leptin gene in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle. *Genetics and Molecular Biology*, v.28, p.740-2, 2005.
- CLOP, A. et al. A mutation creating a potential illegitimate microRNA target site in the myostatin gene affects muscularity in sheep. *Nature Genetics*, v.38, p.813-8, 2006.

- COGBURN, L. A. et al. Systems-wide chicken DNA microarrays, gene expression profiling, and discovery of functional genes. *Poultry Science*, v.82, p.939-51, 2003.
- COLLINS, F. S. et al. A DNA polymorphism discovery resource for research on human genetics variation. *Genome Research*, v.8, p.1229-31, 1998.
- COUTINHO, L. L. et al. A genômica na bovinocultura de corte. In: PIRES, A. V. (Ed.) *Bovinicultura de corte*. Piracicaba: Fealq, 2010. v.2, p.813-26.
- DALBIES-TRAN, R.; MERMILLOD, P. Use of heterologous complementary DNA array screening to analyze bovine oocyte transcriptome and its evolution during *in vitro* maturation. *Biology of Reproduction*, v.68, p.252-61, 2003.
- DAVIES, G. et al. Quantitative trait loci associated with parasitic infection in Scottish blackface sheep. *Heredity*, v.96, p.252-8, 2006.
- DE VRIES, A. G. et al. The role of major genes and DNA technology in selection for meat quality in pigs. *Meat Science*, v.49, p.S245-S255, Supl.1., 1998.
- DEKKERS, J. C. M. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: strategies and lessons. *Journal of Animal Science*, v.82, p.E313-328, Supl., 2004.
- DIEZ-TASCÓN, C. et al. Mapping quantitative trait loci for milk production traits on ovine chromosome. *Journal of Dairy Research*, v.68, p.389-97, 2001.
- DONALDSON, L. et al. Construction and validation of a Bovine Innate Immune Microarray. *BMC Genomics*, v.6, p.135, 2005.
- DRINKWATER, R. D. et al. Detecting quantitative trait loci affecting beef tenderness on bovine chromosome 7 near calpastatin and lysyl oxidase. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, v.46, p.159-64, 2006.
- DU, F. X. et al. Characterizing linkage disequilibrium in pig populations. *International Journal of Biology Science*, v.3, p.166-78, 2007.
- EL-HALAWANY, N. et al. Quantitative expression analysis of blastocyst derived gene transcripts in preimplantation developmental stages of *in vitro*-produced bovine embryos using real-time polymerase chain reaction technology. *Reproduction, Fertility and Development*, v.16, p.753-62, 2004.
- ELSIK, C. G. et al. The genome sequence of taurine cattle: a window to ruminant biology and evolution. *Science*, v.324, p.522-8, 2009.
- FADIEL, A. et al. Farm animal genomics and informatics: an update. *Nucleic Acids Research*, v.33, p.6308-18, 2005.
- FAHRENKRUG, S. C. Development of a swine protein-annotated oligonucleotide-microarray. In: PLANT & ANIMAL GENOMES CONFERENCE, 15., 2007, San Diego. *Proceedings...* W324: Swine. 2007. 1 CD-ROM.
- FANG, M. et al. An 8bp indel in exon 1 of Ghrelin gene associated with chicken growth. *Domestic Animal Endocrinology*, v.32, p.216-25, 2007.
- FENG, X. P. et al. Trait association of genetic markers in the growth hormone and the growth hormone receptor gene in a White Leghorn strain. *Poultry Science*, v.76, p.1770-5, 1997.
- FUJII, J. et al. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science*, v.253, p.448-51, 1991.

- GASPARIN, G. et al. Mapping of quantitative trait loci controlling tick (*Rhipicephalus (Boophilus) microplus*) resistance on bovine chromosomes 5, 7 and 14. *Animal Genetics*, v.38, p.453-9, 2007.
- GIBBS, R. A. et al. Genome-wide survey of SNP variation uncovers the genetic structure of cattle breeds. *Science*, v.324, p.528-32, 2009.
- GRATTAPAGLIA, D. Genotipagem em larga escala e seleção genômica no melhoramento de plantas. In: CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 56., 2010, Guarujá. *Anais...* Ribeirão Preto: SBG, 2010. 1 CD-ROM.
- GRISART, B. et al. Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. *Genome Research*, v.12, p.222-31, 2002.
- GROBET, L. et al. A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscled phenotype in cattle. *Nature Genetics*, v.17, p.71-4, 1997.
- GROENEN, M.A.M., Wahlberg, P., Foglio, M., Cheng, H.H., Megens, H.J., Crooijmans, R. P. M. A high-density SNP-based linkage map of the chicken genome reveals sequence features correlated with recombination rate. *Genome Research*, v.19, p.510-9, 2009.
- GU, Z. L. et al. Single nucleotide polymorphism analysis of the chicken Myostatin gene in different chicken lines. *Yi Chuan Xue Bao*, v.29, p.599-606, 2002.
- GUIDO, L. N. et al. Caracterização genotípica das gerações parental e F₁ de duas populações de galinhas desenvolvidas para mapeamento de QTLs usando marcadores microssatélites do cromossomo 2. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA, 17. 2009, Pirassununga. *Anais...* São Paulo: USP, 2009. 1 CD-ROM.
- HAEGEMAN, A. et al. Mapping and SNP analysis of bovine candidate genes for meat and carcass quality. *Animal Genetics*, v.34, p.349-53, 2005.
- HASTINGS, N. et al. Polymorphisms within the coding region of the bovine luteinizing hormone receptor gene and their association with fertility traits. *Animal Genetics*, v.37, p.583-5, 2006.
- HATEY, F. et al. Expressed sequence tags for genes: a review. *Genetics Selection Evolution*, v.30, p.521-54, 1998.
- HEIFETZ, E. M. Mapping QTL affecting resistance to Marek's disease in an F6 advanced intercross population of commercial layer chickens. *BMC Genomics*, v.10, p.20, 2009.
- HILLIER, L.W. et al. Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature*, v.432, p.695-716, 2004.
- HOCQUETTE, J. F. et al. Recent advances in cattle functional genomics and their application to beef quality. *Animal*, v.1, p.159-73, 2007.
- HUANG, Y. Q. et al. Single nucleotide polymorphisms in chicken *Imbr1* gene were associated with chicken growth and carcass traits. *Science in China Series C: Life Sciences*, v.50, p.62-9, 2007.
- JIANG, S. W. et al. Studies of relationship between the melanocortin-3 receptor gene and body weight in chicken for high and low weight lines' intercross. *Yi Chuan Xue Bao*, v.29, p.322-5, 2002.
- JIANG, Z. H. et al. Significant associations of the mitochondrial transcription factor

- A promoter polymorphisms with marbling and subcutaneous fat depth in Wagyu x Limousin F₂ crosses. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, v.334, p.516-23, 2005.
- KAPPES, S. M. et al. Initial results of genomic scans for ovulation rate in a cattle population selected for increased twinning rate. *Journal of Animal Science*, v.78, p.3053-9, 2000.
- KHATKAR, M. S. et al. Quantitative trait loci mapping in dairy cattle: review and meta-analysis. *Genetics Selection Evolution*, v.36, p.163-90, 2004.
- KIM, E. S. Fine-mapping of coccidia-resistant quantitative trait loci in chickens. *Poultry Science*, v.85, p.2028-30, 2006.
- KOOHARAIE, M. et al. A muscle hypertrophy condition in lamb (callipyge): Characterization of effects on muscle growth and meat quality traits. *Journal of Animal Science*, v.73, p.3596-607, 1995.
- LEDUR, M. C. et al. O uso de marcadores na produção de aves. In: BRIDI, A. M. et al. (Ed.) *A zootecnia frente a novos desafios*. Londrina: UEL, 2007. p.457-82.
- LEHNERT, S. A. et al. Development and application of a bovine cDNA microarray for expression profiling of muscle and adipose tissue. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, v.44, p.1127-33, 2004.
- LI, H. et al. Chicken QTLs for growth, body composition, and metabolic factors associated with TGF-beta family genes. In: CONFERENCE ON PLANT, ANIMAL & MICROBE GENOMES, 10., 2002, San Diego. *Abstracts...* San Diego, 2002. 1 CD-ROM.
- _____. Identification of estrogen-responsive genes in the parenchyma and fat pad of the bovine mammary gland by microarray analysis. *Physiological Genomics*, v.27, p.42-53, 2006.
- LIEFERS, S. C. et al. Genetics and physiology of leptin in periparturient dairy cows. *Domestic Animal Endocrinology*, v.29, p.227-38, 2005.
- LIEN, S. et al. A primary screen of the bovine genome for quantitative trait loci affecting twinning rate. *Mammalian Genome*, v.11, p.877-82, 2000.
- LIU, S. F. et al. Studies of BMPR-IB and BMP15 as candidate genes for fecundity in little tailed han sheep. *Yi Chuan Xue Bao*, v.30, p.755-60, 2003.
- MANNEN, H. et al. Effect of mitochondrial DNA variation on carcass traits of Japanese Black cattle. *Journal of Animal Science*, v.76, p.36-41, 1998.
- MANNEN, H. et al. Identification of mitochondrial DNA substitutions related to meat quality in Japanese Black cattle. *Journal of Animal Science*, v.81, p.68-73, 2003.
- MASSICOTTE, L. et al. Maternal housekeeping proteins translated during bovine oocyte maturation and early embryo development. *Proteomics*, v.6, p.3811-20, 2006.
- MCPHERRON, A. C.; LEE, S. J. Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, v.94, p.12457-61, 1997.
- MCRAE, A. F. et al. Mapping of multiple quantitative trait loci for growth and carcass traits in a complex commercial sheep pedigree. *Animal Science*, v.80, p.135-41, 2005.
- MENG, H. et al. Studies of single nucleotide polymorphism of PPAR gene and its associations with fattiness trait in chicken. *Yi Chuan Xue Bao*, v.29, p.119-23, 2002.

- MICHAL, J. J. et al. The bovine fatty acid binding protein 4 gene is significantly associated with marbling and subcutaneous fat depth in Wagyu x Limousin F₂ crosses. *Animal Genetics*, v.37, p.400-2, 2006.
- MORRIS, C. A. et al. Genotypic effects of calpain 1 and calpastatin on the tenderness of cooked M. *Longissimus dorsi* steaks from Jersey x Limousin, Angus and Hereford-cross cattle. *Animal Genetics*, v.37, p.411-4, 2006.
- NIE, Q. et al. High diversity of the chicken growth hormone gene and effects on growth and carcass traits. *Journal of Heredity*, v.96, p.698-703, 2005.
- NINOV, K. et al. Investigation of *leptin* gene in broiler and layer chicken lines. *Scientia Agricola*, v.65, p.214-9, 2008.
- NONES, K. *Mapeamento de QTLs no cromossomo 1 de Gallus gallus que influenciaram características de desempenho e carcaça*. Piracicaba, 2004. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- NONES, K. et al. Genetic linkage map of chicken chromosome from a Brazilian resource population. *Scientia Agricola*, v.62, p.12-7, 2005.
- _____. Mapping QTLs on chicken chromosome 1 for performance and carcass traits in a broiler x layer cross. *Animal Genetics*, v.37, p.95-100, 2006.
- OLLIER, S. et al. Mammary transcriptome analysis of food-deprived lactating goats highlights genes involved in milk secretion and programmed cell death. *Journal of Nutrition*, v.137, p.560-7, 2007.
- PAGE, B. T. et al. Evaluation of single-nucleotide polymorphisms in CAPN1 for association with meat tenderness in cattle. *Journal of Animal Science*, v.80, p.3077-85, 2002.
- _____. Association of markers in the bovine CAPN1 gene with meat tenderness in large crossbred populations that sample influential industry sires. *Journal of Animal Science*, v.8, p.3474-81, 2004.
- PARSANEJAD, R. et al. Alleles of cytosolic phosphoenolpyruvate carboxykinase (PEPCK): trait association and interaction with mitochondrial PEPCK in a strain of White Leghorn chickens. *Poultry Science*, v.82, p.1708-15, 2003.
- POTTS, J. K. et al. Characterization of gene expression in double-muscléd and normal-muscléd bovine embryos. *Animal Genetics*, v.34, p.438-44, 2003.
- PRINGLE, T. D. et al. Carcass characteristics, the calpain proteinase system, and aged tenderness of Angus and Brahman crossbred steers. *Journal of Animal Science*, v.75, p.2955-61, 1997.
- QIU, X. et al. The single nucleotide polymorphisms of chicken melanocortin-4 receptor (MC4R) gene and their association analysis with carcass traits. *Science in China Series C: Life Sciences*, v.49, p.560-6, 2006.
- REVERTER, A. et al. A mixture model-based cluster analysis of cDNA microarray gene expression data on Brahman and Brahman composite steers fed high, medium and low quality diets. *Journal of Animal Science*, v.81, p.1900-10, 2003.
- RINCKER, C. B. et al. Relationship among GeneSTAR marbling marker, intramuscular fat deposition, and expected progeny differences in early weaned Simmental steers. *Journal of Animal Science*, v.84, p.686-93, 2006.
- ROSÁRIO, M. F. *Arquitetura genética de características quantitativas associadas ao*

desempenho e ao rendimento de carcaça na galinha doméstica. Piracicaba, 2007. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

ROSÁRIO, M. F. et al. Genotypic characterization of microsatellite markers in broiler and layer selected chicken lines and their reciprocal F₁s. *Scientia Agricola*, v.66, p.150-8, 2009.

_____. Precision of distances and ordering of microsatellite markers in consensus linkage maps of chromosomes 1, 3 and 4 from two reciprocal chicken populations using bootstrap sampling. *Genetics and Molecular Research*, v.9, p.1357-76, 2010.

RUY, D. C. *Mapeamento de QTL para desempenho e características de carcaça, nos cromossomos 3 e 5 de Gallus gallus*. Piracicaba, 2004. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

SCHLEE, P. et al. Influence of growth-hormone genotypes on breeding values of Simmental bulls. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v.111, p.253-6, 1994.

SCHMUTZ, J.; GRIMWOOD, J. Fowl Sequence. *Nature*, v.432, p.679-80, 2004.

SCHNEIDER, F. et al. Gonadotropin-releasing hormone (GnRH) and its natural analogues: a review. *Theriogenology*, v.66, p.691-709, 2006.

SILVA, F. E. J. et al. Caracterização genotípica de populações recíprocas brasileiras da galinha usando marcadores microssatélites no cromossomo 5. In: CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 5., 2009, Águas de Lindóia. *Anais...* Ribeirão Preto: SBG, 2009. 1 CD-ROM.

SILVA, J. A. V. et al. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.34, p.1568-72, 2005.

SIRARD, M. A. et al. Potential and limitations of bovine-specific arrays for the analysis of mRNA levels in early development: preliminary analysis using a bovine embryonic array. *Reproduction, Fertility and Development*, v.17, p.47-57, 2005.

SMITH, J. et al. Development of a chicken 5K microarray targeted towards immune function. *BMC Genomics*, v.7, p.49, 2006.

SOUZA, C. A. *Investigação de polimorfismos nos genes dos fatores miogênicos e miostatina como marcadores moleculares para características quantitativas em Gallus gallus*. Piracicaba, 2004. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

TAN, S. H. et al. Gene expression profiling of bovine in vitro adipogenesis using a cDNA microarray. *Functional & Integrative Genomics*, v.6, p.235-49, 2006.

TAUTZ, D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research*, v.17, p.6463-71, 1989.

THALLER, G. et al. DGAT1, a new positional and functional candidate gene for intramuscular fat deposition in cattle. *Animal Genetics*, v.34, p.354-7, 2003.

VAICIUNAS, A. et al. Leptin and hypothalamic gene expression in early- and late-maturing Bos indicus Nelore heifers. *Genetics and Molecular Biology*, v.31, p.657-64, 2008.

VALLEE, M. et al. Identification of novel and known oocyte-specific genes using complementary DNA subtraction and microarray analysis in three different species. *Biology of Reproduction*, v.73, p.63-71, 2005.

- WALLING, G. A. et al. Mapping of quantitative trait loci for growth and carcass traits in commercial sheep populations. *Journal of Animal Science*, v.82, p.2234-45, 2004.
- WANG, G. et al. *Insulin-like growth factor 2* as a candidate gene influencing growth and carcass traits and its biallelic expression in chicken. *Science in China C: Life Sciences*, v.48, p.187-94, 2005.
- WANG, Y. H. et al. Transcriptional profiling of skeletal muscle tissue from two breeds of cattle. *Mammalian Genome*, v.16, p.201-10, 2005.
- WHEELER, T. L.; KOOHMARAIE, M. Prerigor and postrigor changes in tenderness of ovine *longissimus* muscle. *Journal of Animal Science*, v.72, p.1232-8, 1994.
- WHITE, S. N. et al. A new single nucleotide polymorphisms in CAPN1 extends the current tenderness marker test to include cattle of *Bos indicus*, *Bos taurus*, and crossbred descent. *Journal of Animal Science*, v.83, p.2001-8, 2005.
- WONG, G. K. et al. A genetic variation map for chicken with 2.8 million single-nucleotide polymorphisms. *Nature*, v.432, p.717-22, 2004.
- WU, G. Q. et al. A potential molecular marker for selection against abdominal fatness in chickens. *Poultry Science*, v.85, p.1896-9, 2006.
- YAN, B. X. et al. Single nucleotide polymorphism analysis in chicken insulin-like growth factor-II gene and its associations with growth and carcass traits. *Yi Chuan Xue Bao*, v.29, p.30-3, 2002.
- YE, X. et al. Associations of myostatin gene polymorphisms with performance and mortality traits in broiler chickens. *Genetics Selection Evolution*, v.39, p.73-89, 2007.
- ZHANG, Z.-R. et al. Identification and association of the single nucleotide polymorphisms in *calpain 3* (*CAPN3*) gene with carcass traits in chickens. *BMC Genetics*, v.10, p.10, 2009.
- ZHAO, J. G. et al. The study of the uncoupling protein gene as the candidate gene for fatness traits in chicken. *Yi Chuan Xue Bao*, v.29, p.481-6, 2002.
- ZHENG, Q. et al. Systematic identification of genes involved in divergent skeletal muscle growth rates of broiler and layer chickens. *BMC Genomics*, v.10, p.87, 2009.
- ZHOU, H. et al. *Insulin-like growth factor-I* gene polymorphism associations with growth, body composition, skeleton integrity, and metabolic traits in chickens. *Poultry Science*, v.4, p.212-21, 2005.

RESUMO – A biotecnologia animal tem fornecido novas ferramentas para os programas de melhoramento e, dessa forma, contribuído para melhorar a eficiência da produção dos produtos de origem animal. No entanto, os avanços têm sido mais lentos do que antecipados, especialmente em razão da dificuldade na identificação dos genes responsáveis pelas características fenotípicas de interesse zootécnico. Três estratégias principais têm sido utilizadas para identificar esses genes – mapeamento de QTL, genes candidatos e sequenciamento de DNA e mRNA – e cada uma tem suas vantagens e limitações. O mapeamento de QTL permite determinar as regiões genômicas que contêm genes, mas o intervalo de confiança do QTL pode ser grande e conter muitos genes. A estratégia de

genes candidatos é limitada por causa do conhecimento ainda restrito das funções de todos os genes. Os sequenciamentos de genomas e de sequências expressas podem auxiliar na identificação da posição de genes e de vias metabólicas associadas à característica de interesse. A integração dessas estratégias por meio do desenvolvimento de programas de bioinformática permitirá a identificação de novos genes de interesse zootécnico. Assim, os programas de melhoramento genético se beneficiarão pela inclusão da informação obtida diretamente do DNA na avaliação do mérito genético dos plantéis disponíveis.

PALAVRAS-CHAVE: Avicultura, Bovino, Genômica, Marcador molecular, Melhoramento animal, Suíno.

ABSTRACT – Animal biotechnology is providing new tools for animal breeding and genetics and thus contributing to advances in production efficiency and quality of animal products. However, the progress is slower than anticipated, mainly because of the difficulty involved in identifying genes that control phenotypic characteristics of importance to the animal industry. Three main strategies: QTL mapping, candidate genes and DNA and mRNA sequencing have been used to identify genes of economic interest to animal breeding and each has advantages and disadvantages. QTL mapping allows identification of the genomic region that contains the genes, but the confidence interval of the regions is usually large and may contain several genes. Candidate gene approach is limited to our restricted knowledge of the biological function of the genes. Sequencing of genomes and expressed sequences tags can provide identifying gene position and metabolic pathways associated with phenotypic trait. Integrating these strategies using bioinformatics software will allow identifying of novel genes for animal production. Then, animal breeding programs will include the information from DNA directly on evaluation of genetic value of livestock production.

KEYWORDS: Poultry, Bovine, Genomics, Molecular marker, Animal breeding, Swine

Luiz Lehmann Coutinho é professor titular do Laboratório de Biotecnologia Animal, Departamento de Zootecnia, Esalq/USP. @ – llcoutin@esalq.usp.br

Millor Fernandes do Rosário é pós-doutorando no Laboratório de Biotecnologia Animal, Departamento de Zootecnia, Esalq/USP. @ – millor@usp.br

Recebido em 27.9.2010 e aceito em 30.9.2010.