



Herramientas moleculares para la gestión y uso de los Recursos Genéticos en Brasil

Andréa Egito Embrapa Vacuno de Carne

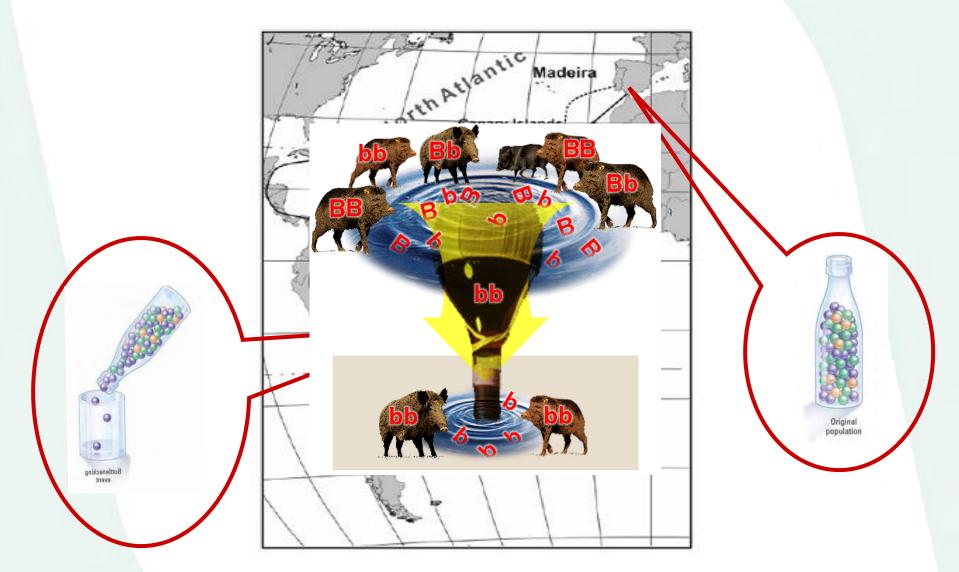






Lo que caracteriza una raza o rebaño local????







 Pasaron por un proceso de selección de adaptación de más de 500 años

 Después de la introducción de razas especializadas casi llegaran a la extinción

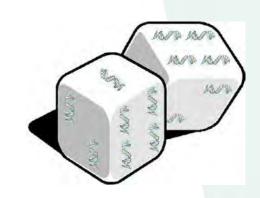


- Poblaciones pequeñas
- Pocos rebaños o incluso únicos
- Rebaños cerrados





- Las poblaciones más susceptibles a los efectos de la deriva genética al azar
- Tasas de endogamia alta
- Relación masculino: femenino desequilibrada

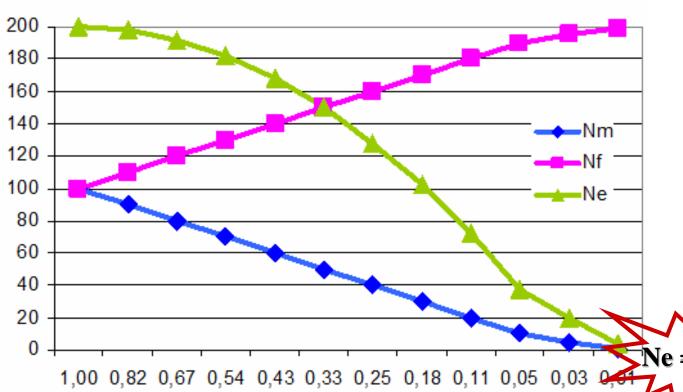


- Reducción del efectivo de la población (Ne)
 - Número de individuos que tenían la misma tasa de endogamia y respuesta a la deriva genética se la población fuera ideal - una medida del comportamiento genético



Tamaño muestral de la poblacion = 200

$$\mathcal{N} = \frac{4 \, \mathcal{N}_{m} \, \mathcal{N}_{f}}{\mathcal{N}_{m} + \mathcal{N}_{f}}$$



Ne = 3,98



Consecuencias

 Poblaciones pueden estar o quedarse genéticamente afectadas

Poblaciones pequeñas



Caracterización Genética

 La caracterización genética permite que se conozca el genotipo de un animal a partir de su ADN, extraído de muestras de sangre, pelos, tejidos o semen;

 Su principal finalidad es auxiliar en la manutención, conservación y en la disponibilidad de la diversidad genética en programas de mejoramiento y de conservación.



Caracterización genética



Genética da conservación Genética de poblaciones Fisiologia, epidemiologia...

Herramientas de biologia molecular



Desarollo de programas de manejo, uso y gestión de los RGA Fenótipos

Análisis estadísticos vários programas



Bases de datos genótipos/haplótipos

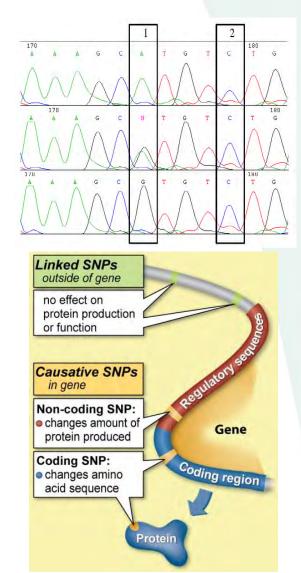






Marcadores moleculares são:

- Porções do DNA que diferenciam dois ou mais indivíduos (polimorfismos) e são herdadas geneticamente (marcador genético).
- Pode ser oriundo de um gene expresso ou de um segmento específico de DNA (expresso ou não)
- Os tipos de marcadores diferenciam-se pela tecnologia utilizada para revelar a variabilidade do DNA.





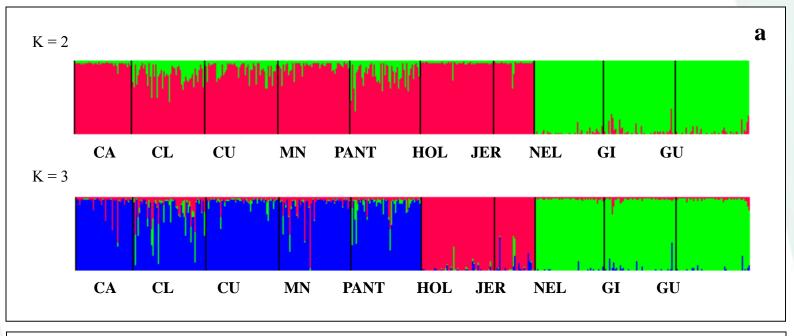
Ejemplos del uso de las marcadores para el manejo y gestión de poblaciones

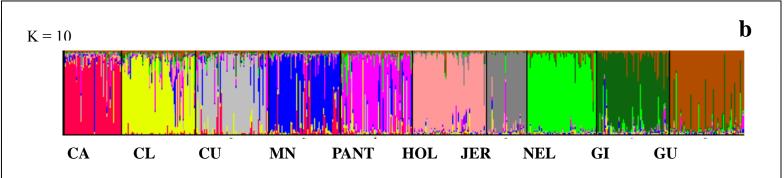


Índices de diversidade genética - parâmetros populacionais



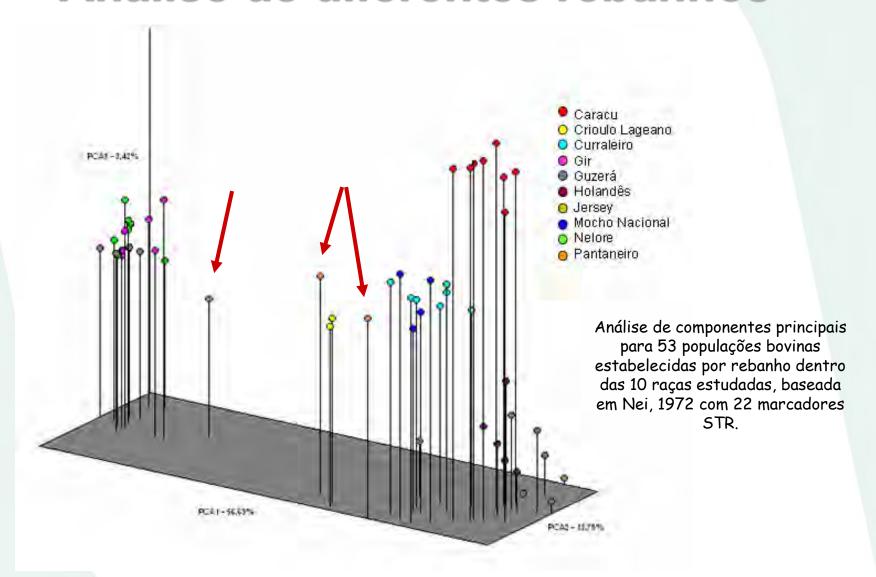
Estrutura populacional Unicidad de las razas







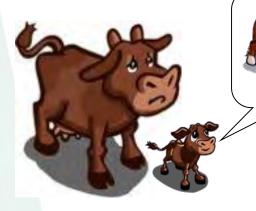
Análise de diferentes rebanhos





Manejo y gestión de rebaños





Pruebas de Paternidad

Loco	k	N	Но	Не	PIC	PE1	PE2	F_{IS}	F_{ST}
HMS03	5	160	0,55	0,566	0,483	0,164	0,288	0,1481	0,1341
HTG07	12	177	0,757	0,735	0,706	0,352	0,537	-0,1018	0,1973
COR07	6	161	0,571	0,749	0,703	0,337	0,513	0,2101	0,1389
COR82	5	165	0,345	0,403	0,378	0,085	0,228	0,0945	0,2724
ASB17	5	182	0,038	0,08	0,079	0,003	0,041	0,3616	0,2208
HMS07	5	176	0,403	0,38	0,356	0,075	0,21	0,0705	0,2045
TKY344	5	176	0,642	0,64	0,57	0,219	0,369	-0,0656	0,0778
ASB02	4	173	0,243	0,414	0,378	0,086	0,22	0,2638	0,1133
UCDEQ425	8	141	0,695	0,677	0,615	0,251	0,412	-0,0714	0,2093
HMS45	4	172	0,512	0,546	0,476	0,149	0,283	-0,0289	0,2835
LEX73	5	159	0,189	0,434	0,354	0,094	0,186	0,2004	0,4529
TKY312	5	149	0,57	0,614	0,557	0,2	0,359	-0,015	0,1207
AHT04	9	128	0,68	0,787	0,757	0,415	0,595	0,0539	0,1342
ASB23	8	172	0,587	0,659	0,595	0,241	0,397	0,1204	0,1771
COR58	5	146	0,63	0,679	0,615	0,251	0,411	-0,0482	0,1542
Média	6,07	162,4667	0,494133	0,557533	0,508133			0,079493	0,192733
Poder de						0.000414	0.000740		
Exculsão						0.988414	0.999748		

- Matrices de parentesco son clave para la implementación programas de mejora y para formación de asociaciones de razas registro genealógico
- Es necesario disponer de tríos o dúos y probables sospechosos para ser probado
- Rebaños con muchos padres probables y con un alto grado de similitud



Population	Sample size	He	Но	Fis
BCEMN	96	0,6972	0,6670	0,043
BCFAC	15	0,7253	0,6889	0,052
BCFAI	79	0,6424	0,6039	0,0610
BCFAR	14	0,6753	0,6670	0,0140
BCFBM	41	0,6785	0,5697	0.1700
BCFCD	24	0,7061	0,6775	0,0420
BCFCN	24	0,6491	0,5435	0,17
BCFCQ	57	0,6846	0,6922	- 0,01
BCFCA	31	0,6977	0,6851	0,018
BCFES	46	0,6944	0,6593	0,057
BCFFA	45	0,7003	0,6893	0,015
BCFFL	194	0,6905	0,6621	0,041
BCFGS	46	0,5535	0,5262	0,05
BCFMN	39	0,7155	0,6910	0,035
BCFMR	44	0,6678	0,6190	0,074
BCFPD	19	0,6768	0,7026	-0,039
BCFRA	18	0,5853	0,5748	0,018
BCFRM	48	0,6179	0,6001	0,029
BCFSN	77	0,6811	0,6465	0,051
BCFT	27	0,6499	0,6589	-0,014
BCSK	107	0,7184	0,6636	0,077



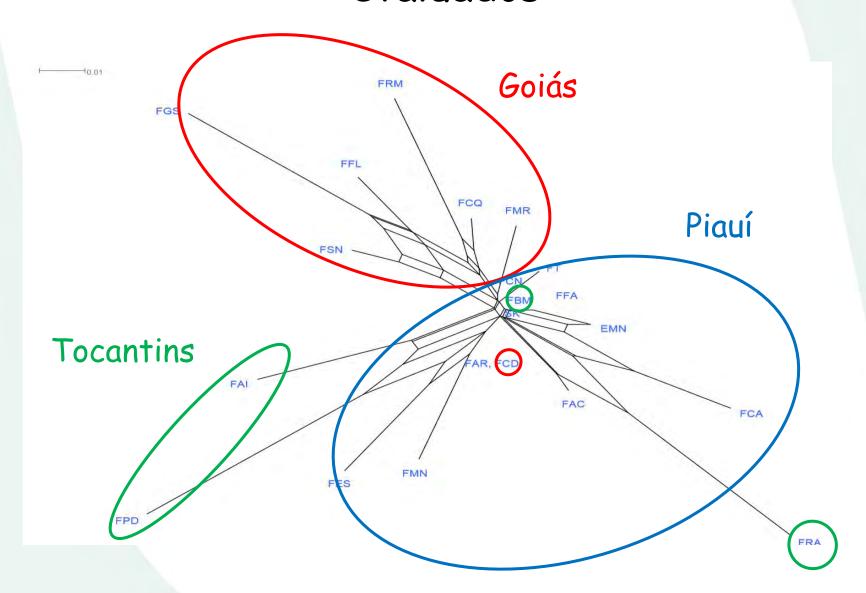




Fis = 0,046



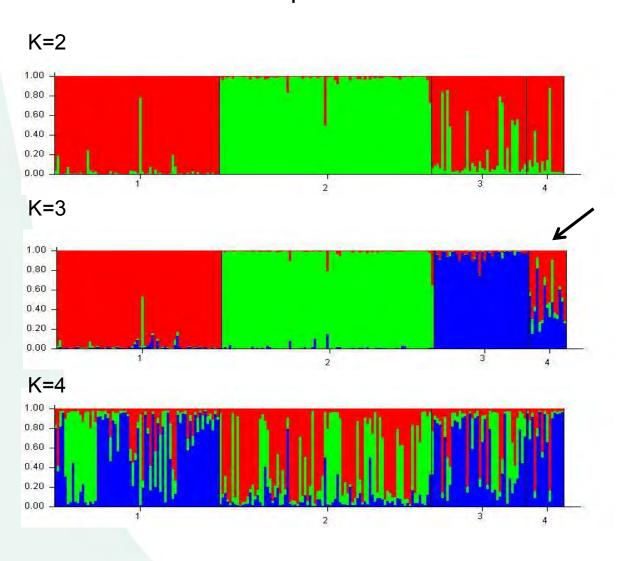
Neighbornet - relación entre los rebaños evaluados

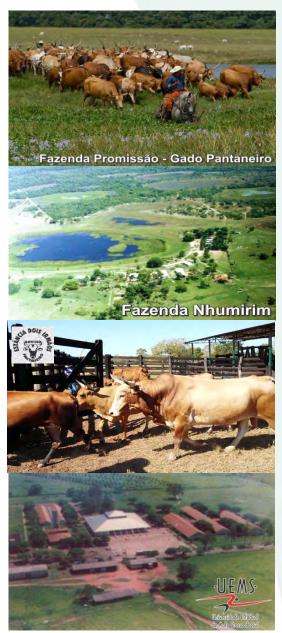




Estructura poblacional de los rebaños

Con indicación de las poblaciones







Rebanho	Ν	He	SD He	Но	SD Ho	RA	Fis	
BPFN	66	0,750	0,017	0,721	0,016	5,78	0,039	>
BPFP	85	0,750	0,024	0,692	0,015	6,48	0,078	>
BPR	38	0,729	0,019	0,737	0,021	5,65	-0,011	١
BPUE	15	0,693	0,031	0,739	0,034	5,06	-0,069	

- El Núcleo de conservación está maniendo la variabilidad genética del rebaño
- Mayor riqueza alélica algunos animales poden tener algún grado de mestizaje
- Ho e Fis mayor endogamia auxiliar cruzamientos
- Elección de los animales a la formación de nuevos rebaños y apareamientos dirigidos



Similitud genética

Allèle sharing (ASM)								
	179		6924					
179	1,000				_			
417	0,500	1,000						
6924	0,200	0,313	1.000					
7069	0,318	0,222	0,300	1,000				
7089	0,346	0,389	0,450	0,500	1,0			
7635	0,429	0,333	0,571	0,357	0,			
7755	0,273	0,278	0,200	0,273	0,			
8057	0,429	0,333	0,357	0,286	0,			
8064	0,429	0,167	0,429	0,500	0,			
5729	0,273	0,333	0,400	0,409	0,			
6699	0,364	0,389	0,300	0,364	0,			
7630	0,357	0,333	0,500	0,357	0,			
7633	0,611	0,417	0,250	0,429	0,			
7639	0,318	0,188	0,222	0,450	0,			
8056	0,500	0,444	0,300	0,409	0,			
8060	0,400	0,444	0,389	0,300	0,			
8061	0,300	0,222	0,389	0,350	0,			
8063	0,462	0,222	0,300	0,318	0,			
8104	0,409	0,222	0,250	0,227	0,3			
8879	0,318	0,444	0,400	0,273	0,			
8925	0,455	0,389	0,300	0,318	0,3			
9322	0,393	0,222	0,250	0,409	0,			
9323	0,389	0,333	0,357	0,375	0,3			
9372	0,464	0,333	0,250	0,500	0,			
9373	0,286	0,389	0,400	0,182	0,			
9518	0,417	0,438	0,278	0,350	0,			
9539	0,417	0,188	0,333	0,350	0,3			
9572	0,500	0,200	0,100	0,250	0,			
9573	0,423	0,333	0,350	0,409	0,3			
9582	0,357	0,333	0,350	0,409	0,			
9611	0,357	0,278	0,350	0,409	0,3			
9634	0,375	0,313	0,333	0,400	0,			
9838	0,333	0,375	0,250	0,300	0,			
9840	0,500	0,375	0,125	0,600	0,3			
9844	0,556	0,400	0,100	0,167	0,			
9848	0,278	0,200	0,200	0,250	0,			
9901	0,611	0,500	0,100	0,417	0,			
aana	0.222	0.200	0.200	0.107	0.2			

Retirada de los individuos con alta similitud genética

Elección de los animales para formar nuevos núcleos o incorporación en el núcleo existente

Apareamiento preferencial

Elección de los individuos para la conservación ex situ - donantes de germoplasma

0.250 0.250 0.250 0.500 0.500 0.500 0.500 0.500 0.500 0.500 0.600 0.600 0.50



Introgresión de genes



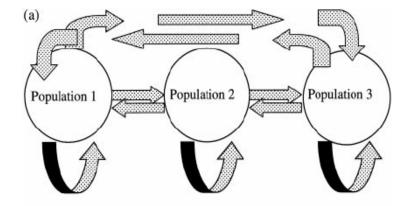
Certificação racial



FISH and FISHERIES, 2001, 2, 93-112

Assigning individual fish to populations using microsatellite DNA markers

Michael M. Hansen¹, Ellen Kenchington² & Einar E. Nielsen¹



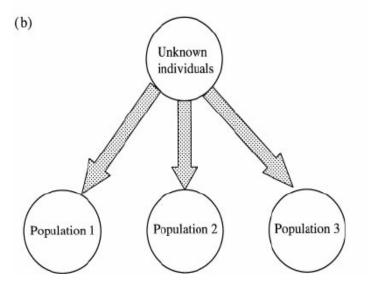


Figure 1 Schematic representation of the two fundamental types of design of assignment methods. (a) 'Self-assignment'. All individuals from all population samples are assigned. Thus, an individual may be assigned to the sample it was derived from or to another sample. (b) 'Assignment of unknown individuals'. Individuals of unknown origin are assigned to a set of baseline samples.



Valorización de las poblaciones



Busca de alelos favoráveis em genes candidatos correlacionados à características produtivas



Inserção das raças no mercado consumidor



Produtos com qualidade diferenciada e Denominação de Origem





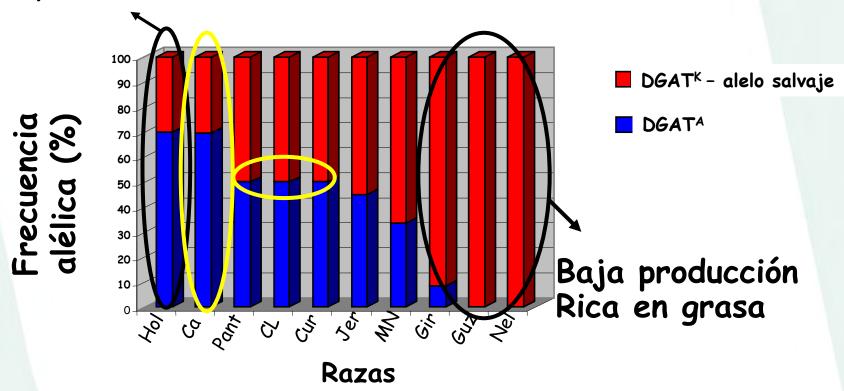
Características Productivas

- Están en evaluación las frecuencias de los alelos favorables de genes candidatos relacionados con el stress térmico, la calidad de la leche y de la carne (marmóreo), en las razas naturalizadas brasileñas y en las razas comerciales.
- Algunos de los genes en estudio:
 - Leche: DGAT1, K-caseína, B-lactoglobulina
 - Carne: Leptina, Pit-1, Calpaína, Calpastatina, GH (Hormona de crecimiento), TG5 (tireoglobulina), SCD1 y FASN
 - Stress térmico: MCR1 e MCR2, HSP70, HSF1
 - Inmunidad innata: DRB3.2



Monitoreo/reconocimiento das poblaciones Características Productivas - Leche

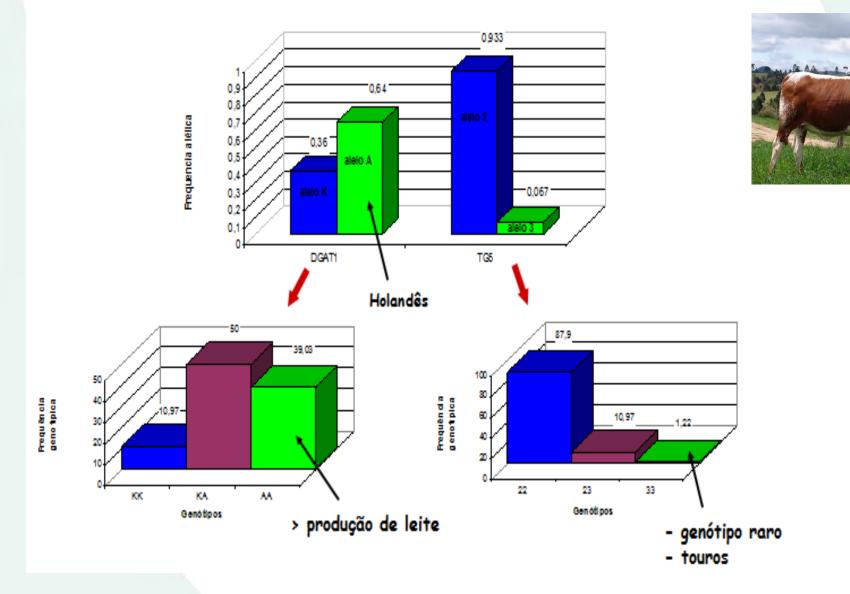
Alta producción



Frecuencia alélica del gene DGAT1



Ejemplo en rebaño CL





Búsqueda de alelos favorables en genes candidatos relacionados con a los caracteres adaptativos y inmunológicos



Se observaron nuevos alelos en las razas criollas para el loco BoLA DRB3.2 También fue prospectado un nuevo SNP en el gen HSF1, relacionado con termotolerancia





Debe asociar con datos fenotípicos para ver si existe una correlación con las características implicadas



Enfoque actual

- Desarrollo e implementación de estrategias de manejo para la gestión genética de las dos razas y sus rebaños
- Generar datos fenotípicos para asociar eficazmente con marcadores descritos anteriormente y prospectar nuevos marcadores (carne, leche, adaptabilidad - la tolerancia al calor - y resistencia a enfermedades)
 - proyectos Rede Centro Oeste, UEMS, PVE
- Evaluación signaturas de selección a través del uso de la secuenciación del ADN total y chips de alto rendimiento (Illumina HD)
 - proyecto aprobado por el Dr. Marcos Vinicius Silva Gualberto - Embrapa Ganado Lechero

Consideraciones finales

- La genética molecular es una herramienta más que se puede utilizar para ayudar en el manejo y uso de los recursos genéticos
- Planes de gestión y manejo genetico pueden minimizar los efectos de la endogamia
- Caracterización fenotípica (morfológica y productiva) es tan importante, o incluso más, que la caracterización genética
- El mayor trabajo ahora es, junto con los ganaderos, buscar agregar valor a las razas y sus productos para fomentar su creación y inclusión en el mercado consumidor

Gracias andrea.egito@embrapa.br +55 67 3368-2177



Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

