



O ponto de encontro da cadeia produtiva de ovinos e caprinos

Você está em: **Radares Técnicos > Melhoramento Genético**

O Potencial da genômica nos estudos de biodiversidade

Segundo o World Wildlife Fund (WWF), o termo biodiversidade ou diversidade biológica descreve a riqueza e a variedade do mundo natural, que inclui as plantas, os animais e os microorganismos. Estes organismos têm o grande potencial de fornecer alimentos, princípios ativos de medicamentos e boa parte da matéria-prima industrial consumida pelo ser humano. A coleta de material biológico com a finalidade de explorar os recursos genéticos é conhecida como bioprospecção.

A Genômica é uma nova área que gera conhecimento e ferramentas para vários setores como a Medicina, a Biologia e a Agropecuária. As tecnologias genômicas também podem ser empregadas como ferramentas para agregar valor aos estudos de biodiversidade. A Genômica engloba uma série de etapas que contribuem para a geração da informação necessária acerca dos genes e suas funções. Estas etapas vão desde a chamada Genômica Estrutural, que inclui o mapeamento do genoma passando por extensivas etapas de sequenciamento gênico, até os estudos de expressão gênica, que fazem parte da chamada Genômica Funcional. Como os próprios nomes sugerem, a Genômica estrutural está preocupada em gerar conhecimento acerca da estrutura de genes enquanto que a Genômica Funcional pretende elucidar a função de cada um destes genes dentro dos processos biológicos.

As ferramentas de mapeamento gênico permitem localizar, dentro de um cromossomo, os genes envolvidos com certas características de interesse, bem como sua posição em relação a outros genes. Já o sequenciamento do DNA permite detalhar a informação até o nível dos nucleotídeos (unidades mínimas básicas) que o constituem. O DNA de organismos superiores possui os genes (seqüências expressas) e uma quantidade ainda maior de seqüências não expressas, algumas sabidamente regulatórias e outras ainda sem função conhecida. No processo de sequenciamento dos genomas, pode-se sequenciar todo o DNA, construindo as chamadas bibliotecas genômicas ou apenas as seqüências expressas (bibliotecas de cDNA, ou "ESTs" - do inglês "Expressed Sequence Tags").

Quando se fala em biodiversidade, a análise comparativa de diferentes genomas permite estabelecer a correspondência entre genes e outras características em diferentes organismos, possibilitando uma análise filogenética das mesmas. Estes estudos filogenéticos permitem entender os processos evolutivos responsáveis pela divergência entre dois genomas, por exemplo. Baseando-se nestas comparações, sabe-se que espécies de mamíferos superiores como o ser humano (*Homo sapiens*) e o camundongo (*Mus musculus*) possuem uma homologia (semelhanças estrutural) muito grande de seqüências, apesar de bem distintas entre si. É de se esperar que quanto maior a homologia genética, menor a distância filogenética entre espécies. Uma grande distância filogenética, no entanto, não implica que dois organismos distintos não tenham qualquer homologia. Existem de fato inúmeros genes conservados entre organismos tão distintos como o homem e as bactérias. Sabe-se hoje que as diferenças gênicas residem em grande parte nas alterações de alguns poucos nucleotídeos (mutações pontuais). O estudo destas diferenças é útil tanto na comparação entre espécies diferentes quanto na comparação de indivíduos da mesma espécie. Estas alterações pontuais são chamadas de polimorfismos de base única ("SNPs" - do inglês "Single Nucleotide Polymorphisms").

Um dos caminhos que a bioprospecção pode seguir é o do melhoramento genético molecular. Neste caso, as ferramentas de mapeamento gênico são também muito

utilizadas, especialmente na seleção assistida por marcadores. Os QTLs (do inglês - "Quantitative Trait Loci") são tipos de marcadores moleculares, constituídos por estruturas conhecidas como microssatélites (regiões de DNA de seqüência repetitiva). Estes QTLs estão situados relativamente próximos aos genes que afetam características quantitativas, como peso, altura, produção leiteira, entre outros. Esta distância é suficientemente pequena para permitir a associação de um dado fenótipo ao QTL em questão. Uma associação positiva indica a região do genoma, mas não necessariamente o gene responsável pela característica. No entanto, com ferramentas como a clonagem posicional é possível se chegar ao gene exato.

Finalmente, a genômica funcional, que envolve estudos de expressão gênica em larga escala, pode servir tanto como ferramenta adicional em estudos comparativos, procurando elucidar mecanismos biológicos em comum entre espécies diferentes, como constituindo uma abordagem auxiliar na procura de genes associados a características de interesse. As ferramentas disponíveis na genômica funcional são muitas e vão desde as mais simples e acessíveis às mais complexas e dispendiosas. Nesta ordem, podemos citar o "differential display", o sequenciamento em larga escala de bibliotecas de cDNA, o RaSH (do inglês "Rapid Sutraction Hybridization"), o MPSS ("Massively Parallel Signature Sequencing"), a análise serial de expressão gênica (SAGE) e os macro e microarranjos de DNA.

Em conjunto, as recentes ferramentas da Genômica permitem um estudo mais completo da caracterização da Biodiversidade, somados aos estudos morfológicos, fisiológicos e bioquímicos, já comumente empregados. Todas estas etapas são essenciais nas etapas subseqüentes, como na já mencionada bioprospecção, no melhoramento genético e principalmente na conservação da biodiversidade.

Saiba mais sobre o autor desse conteúdo:



Lucia Helena Sider Sobral - Ceará
Pesquisa/ensino

Tags: gene, estudo, biodiversidade, ferramenta, organismos, etapas, dna, espécie, genoma, característica, chamada, inglês, diferentes, sequenciamento, biológico, mapeamento