

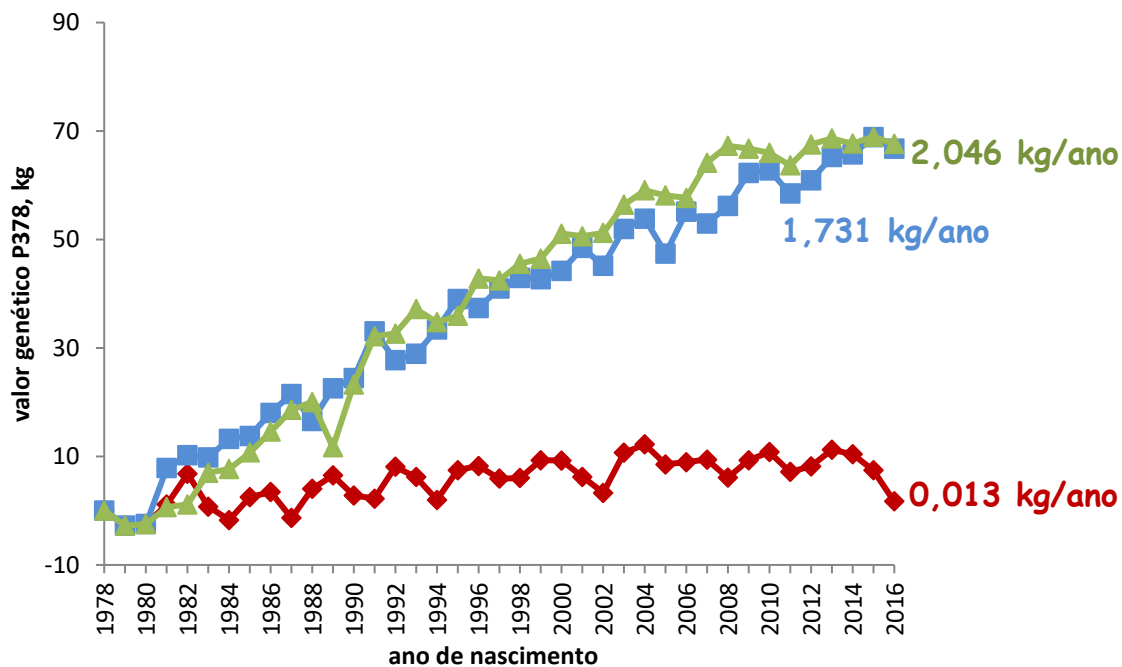
Avaliação genômica em raças Zebuínas de corte: Situação atual e perspectivas

Prof. Fernando Baldi
Dep Zootecnia, Unesp – FCAV
Diretor de Pesq. Inovação ANCP

Sumário

- Estado da arte sobre metodologias de avaliação genômica em raças zebuínas de corte
- Importância da informação genômica para o melhoramento genético
- Resultados de pesquisa sobre utilização de informações genômicas
- Perspectivas futuras sobre o uso de informações genômicas
- Considerações finais.

Seleção em raças zebuínas



Média P378_{78/79/80} = 274 kg
NeC=0,005% da média/ano
NeS=0,63% da média/ano
NeT=0,75% da média/ano



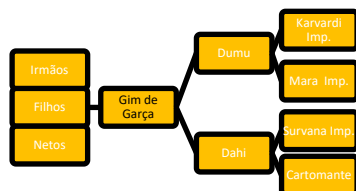
Melhoramento Genético Tradicional



Limitantes da Avaliação Genética Tradicional

- 1. Dependência das informações de parentesco ou pedigree e informações fenotípicas**
- 2. Características avaliadas tardiamente;**
- 3. Seleção para característica “não tradicionais” e de baixa herdabilidade;**
- 4. Baixa acurácia na seleção de animais jovens;**

Avaliação Genética Convencional: Animal Jovem



PEDIGREE

+



FENÓTIPO

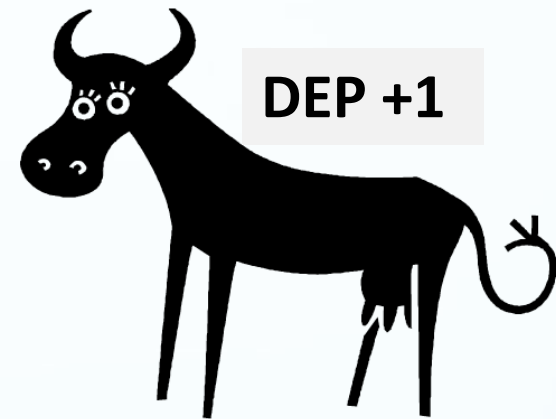
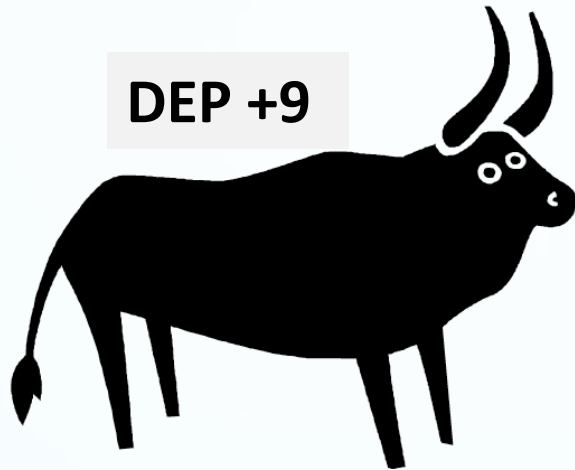
+



**PROGÊNIES e
COLATERAIS**

DEP
Pedigree

Animais Jovens: DEP é a média dos pais



DEPp +5

+5

+5

+5

+5

+5

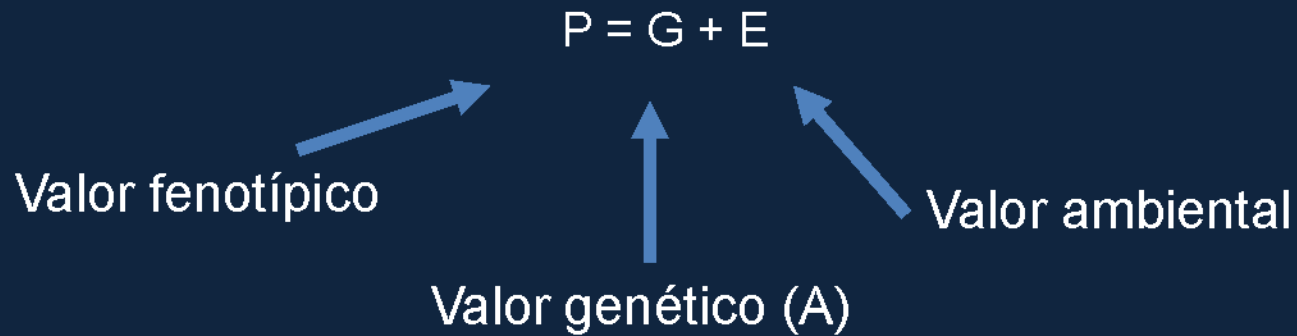
+5

+5

+5

+5

DEPp pedigree = BLUP



Variáveis aleatórias

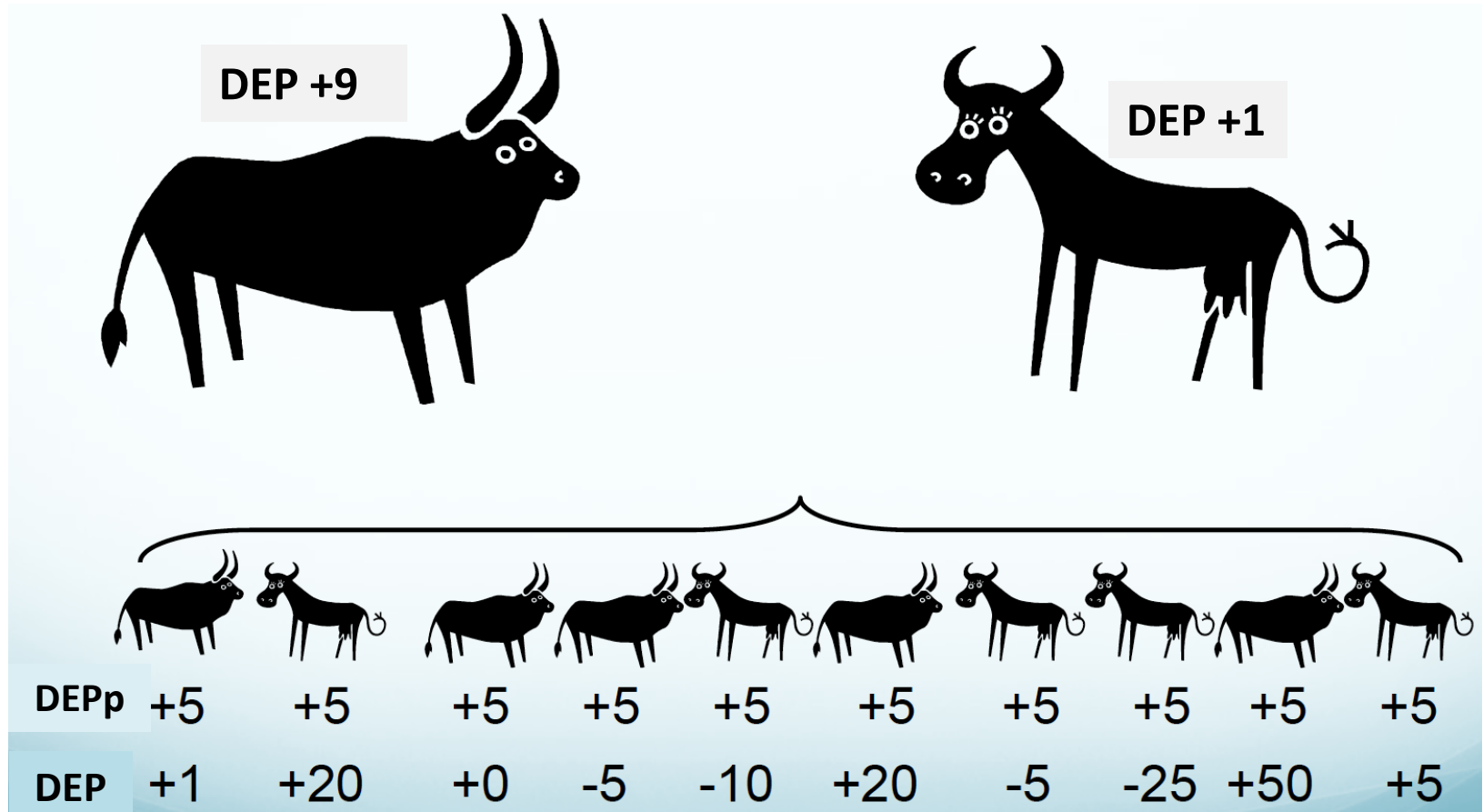


$$G_h = \frac{1}{2} G_p + \frac{1}{2} G_m$$

$$G_{hi} = \frac{1}{2} G_{pi} + \frac{1}{2} G_{hi} + \phi_i$$

Segregação
Mendeliana

Na atual circunstância: com mais informações

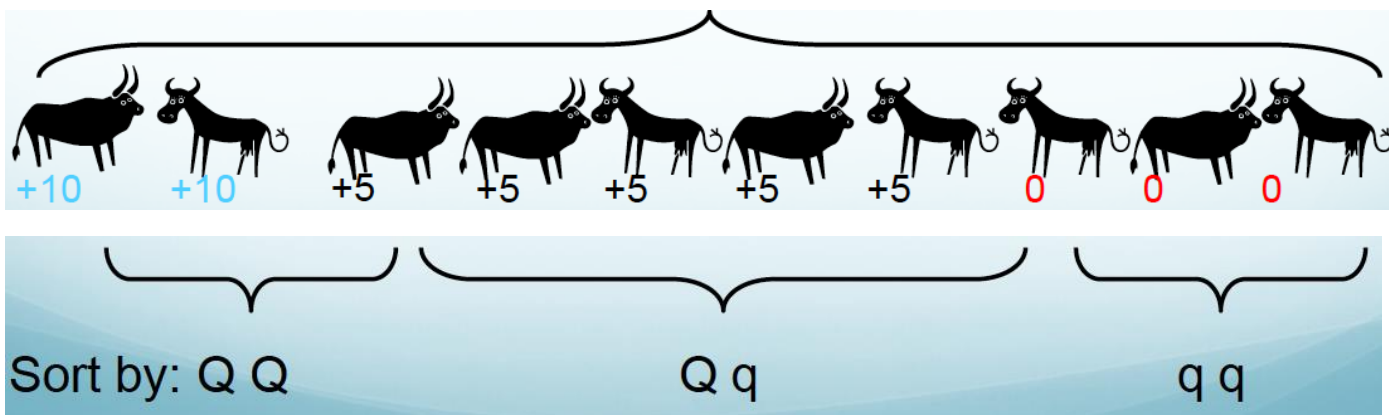


Precisamos dos fenótipos para identificar os animais que têm uma DEP maior à média dos pais (segregação Mendeliana)

Limitações da Avaliação Genética Convencional

- As DEPs são preditas a partir das informações do fenótipo e pedigree (na era pre-genômica)
- Com suficiente informação é possível chegar próximo da DEP "verdadeira" para cada característica.
- Na era da genômica temos os genótipos!!

DEP da progênie jovem é média dos pais + Genômica



Melhoramento Animal para uma Pecuária Eficiente

Predição do Ganho Genético (ΔG) **com genômica:**

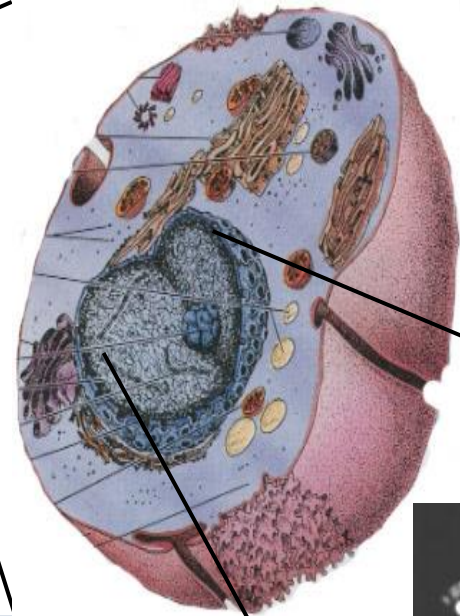
$$\Delta G_a = \frac{\text{Acurácia de predição} * \text{Intensidade de seleção} * \text{Desvio padrão genético aditivo}}{\text{Intervalo de gerações}}$$

Menor risco na seleção dos animais!!!
Seleção mais cedo na vida do animal !!!

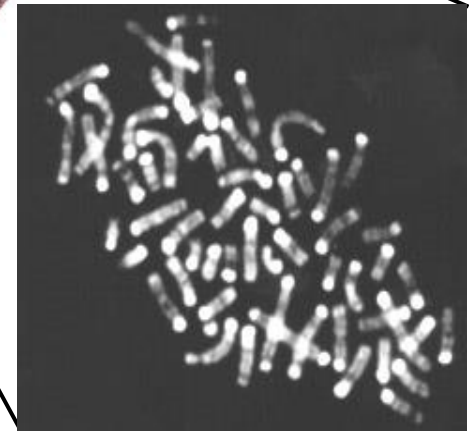
Informação genômica: de onde vem?



← 10-30 μm →



Seleção para variações de ADN específicas que estão associadas a uma característica particular



Sequenciamento do genoma bovino

- Publicado em 2009;
- L1 Dominette 01449 - Hereford;
- **3 bilhões de pares de bases ou SNPs (C, T, A, G);**



The Genome Sequence of Taurine Cattle: A Window to Ruminant Biology and Evolution

The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium,* Christine G. Elsik,¹
Ross L. Tellam,² Kim C. Worley³

To understand the biology and evolution of ruminants, the cattle genome was sequenced to about sevenfold coverage. The cattle genome contains a minimum of 22,000 genes, with a core set of 14,345 orthologs shared among seven mammalian species of which 1217 are absent or undetected in noneutherian (marsupial or monotreme) genomes. Cattle-specific evolutionary breakpoint regions in chromosomes have a higher density of segmental duplications, enrichment of repetitive elements, and species-specific variations in genes associated with lactation and immune responsiveness. Genes involved in metabolism are generally highly conserved, although five metabolic genes are deleted or extensively diverged from their human orthologs. The cattle genome sequence thus provides a resource for understanding mammalian evolution and accelerating livestock genetic improvement for milk and meat production.

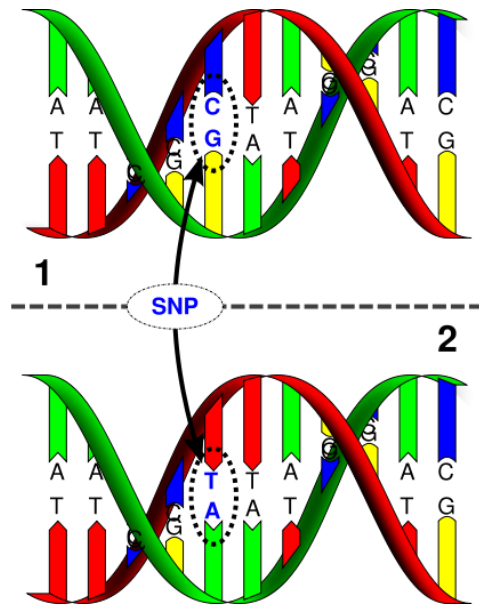
Marcadores de DNA: SNPs

CTTCGCTATTATTATCCCCGCCATCCCCGCCCTCGATCCTTTATATATTAACGCCACTACTATT
ACCATACCTTACCATTGCCCCTCGCGCCGCCGTAATCGCTTAACGCCGATTACGCCGTATAAA
ATCATACTACGTGCGCTTCGATATAAATAACATTACATTATTACGTTATAATATTTTACCTTCGATT
ACGATACCATCCCTAACGCCCTTTTAATATATTTAACTATTATTTAACATACGCCTATCTCGCATCC
CTACATCCTTACGTACTTTAATTTAACGTTTACGCTTTTAATAACCTAACATCCGATCCCTATAAA
TTATCATATAATTATTTATTATATATATAACCTTAAAAAATTAAATCCCATCTTACCCATTGCGCG
CCCGATTATAAATTGCGATCGCCGTACCATATCCCTATAACTTACATTATCCTCGCCCCTACCATC
CTACCATATTGCGCGCCGCTATAATTAACCCCGTACGCATCCCCGATTACTACTAATCCCGCTAA
ATATTATCCCGATCCTATTAACGCTTAAATTACTTACCTTCGCTTACCTACCCGCTTTAAATTAT
AAATATCCTTTAACGTATTAATAAATATACATCCATTTACGCTATATTATAAAAACATAATTAATC
ATCCGCTTATCCCGCTATTAATTTATCGTTATTCGCCCCGCTTATCCTAATATCCATCGCGGTATATTA
ACCGCGCGCCCCTACCTACATACCCCATATCCATCCGCTATTCGCCCCTACCCCGCCCATATAT
CTATATCCCGTAAATATAATCATAAATTAATTAATATCTATATCTACGCTCGCATAAATCCCG

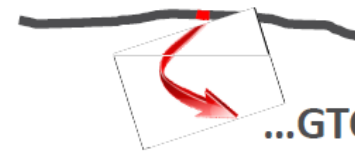
Somente o genótipo tem pouca utilidade na avaliação genômica!!!!

Informação Genômica

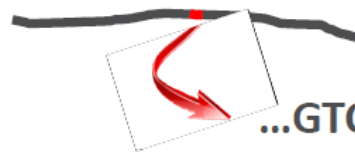
O Sequenciamento do genoma tem permitido a descoberta de milhares de polimorfismos de base única (SNPs):



Os marcadores SNP têm como base as alterações mais elementares da molécula de DNA (A, T, G, C)



...GTCAAAGATTCGA...



...GTCAAAGGTTTCGA...

Raramente um único SNP é responsável pela variação em características de interesse econômico

Quando os marcadores são úteis?

- Aumento da acurácia de animais jovens
- Características difíceis ou caras de medir
- Características de baixa variabilidade genética
- Melhorar o parentesco



Seleção genômica

Podemos acelerar o ganho genético se identificarmos os animais superiores mais cedo na vida do animal?



Cronograma de atividades de teste de progênie

Exemplo da raça Holstein no Canadá

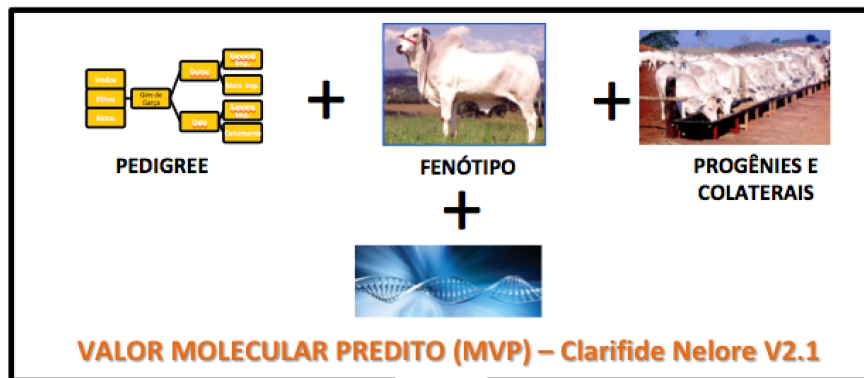
Tempo (meses)	Atividade
0	Vacas de elite escolhidas e acasaladas
9	Bezerros filhos de vacas de elite
+ de 5 anos para obter dados fenotípicos da progênie do reprodutor	
57	Primeiras estimativas de valores genéticos para os touros jovens pelo <i>test-day model</i>
64	Filhas completam a primeira lactação, seleção de touros

Schaeffer (2006)

Abordagens em avaliações genômicas

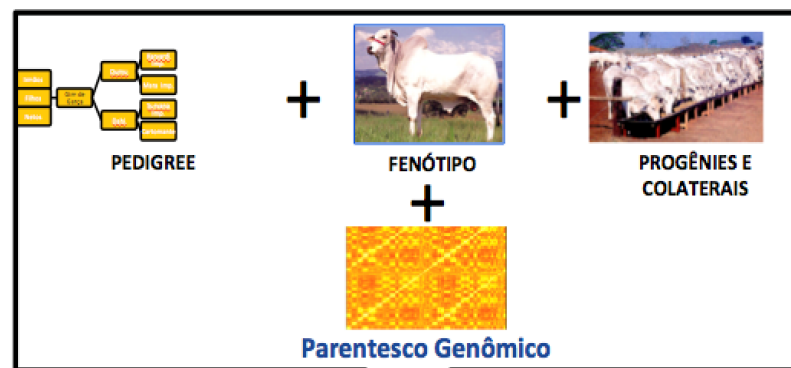
Inclusão da informação genômica:

Método de dois passos:



DEP genômica

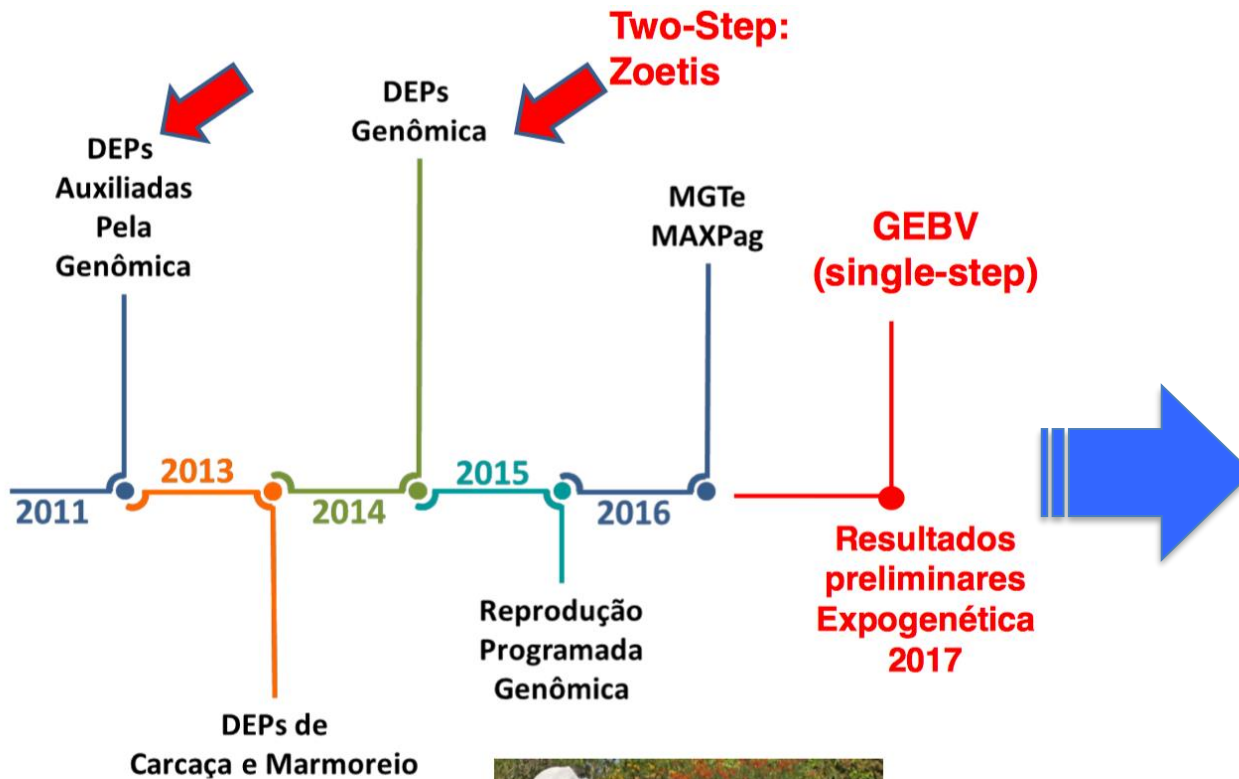
Método de um passo (ssGBLUP):



DEP genômica

Qual abordagem é melhor em termos de resultados?

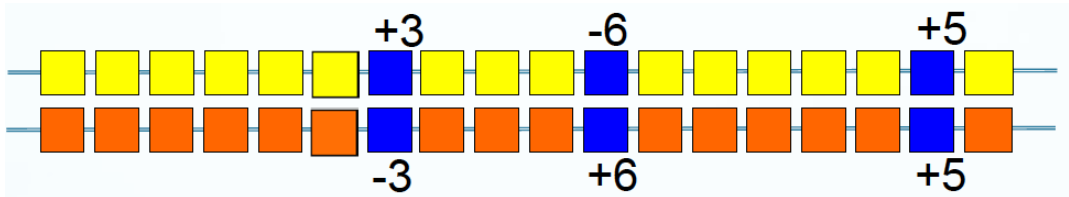
Evolução das avaliações genômicas



Trabalhar para avaliações genômicas mais robustas, confiáveis e “democráticas”



Seleção genômica: calculo do MVP



$$MVP = \sum_i^p SNP_i * b_i$$



MVP ou DGV: Valor Molecular Preditto

Conhecendo **o efeito dos marcadores** é possível obter o **valor molecular genômico**, antes do indivíduo chegar à idade reprodutiva ou expressar características de interesse.

Combinação do MVP com informação do pedigree:

$$GEBV = w_1 MVP + w_2 DEP_{\text{Pais}}$$

GEBV: Valor genômico estimado ou DEP genômica

Método do passo único (ssGBLUP)

Combina todas as fontes de informação de um indivíduo num único passo (*single step*):

Contribuição média dos pais

Contribuição da progênie do animal

Contribuição do pedigree dos animais genotipados

$$\text{GEBV} = w_1\text{PA} + w_2\text{YD} + w_3\text{PC} + w_4\text{DGV} - w_5\text{PP},$$

Desempenho do próprio animal

Valor genômico direto

Passos para implementar a seleção genômica

População de referência

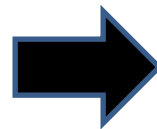


Fenótipos e genótipos conhecidos



Equação de predição

Valor genômico do animal = $w_1x_1 + w_2x_2 + w_3x_3 + \dots$



Candidatos à seleção



Genótipos conhecidos



Seleção de reprodutores utilizando os valores genômicos



Precisión tradicional y genómica, número de progenies equivalentes para DEP genômica para animales jóvenes

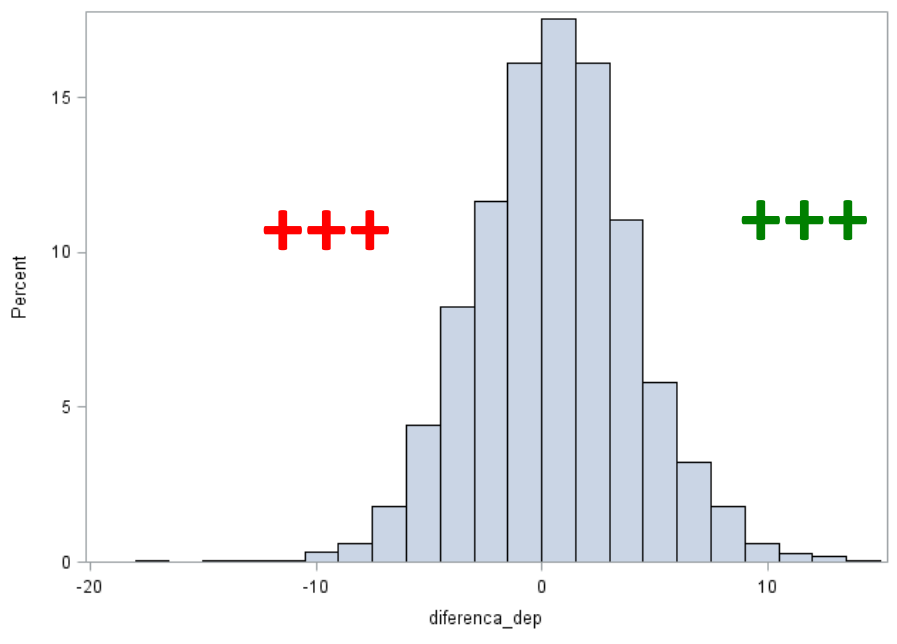
DEPs fase de cria	ACC Tradicional	ACC Genomica	Número de progenies equivalentes
Edad al primer parto	0.16	0.23	10
PP30 (precocidad sexual)	0.17	0.40	21
Stayability (longevidad)	0.11	0.28	22
Productividad de la vaca	0.12	0.36	22
Habilidad materna	0.14	0.41	45
Peso 120 días edad	0.23	0.37	12
Peso 210 días de edad	0.23	0.38	11

DEPs fase de recria y engorde	ACC Tradicional	ACC Genomica	Número de progenies equivalentes
Peso 450 días de edad	0.27	0.42	11
Perimetro escrotal	0.20	0.36	6
Area de ojo de bife	0.19	0.36	9
Espesura de grasa	0.19	0.32	6

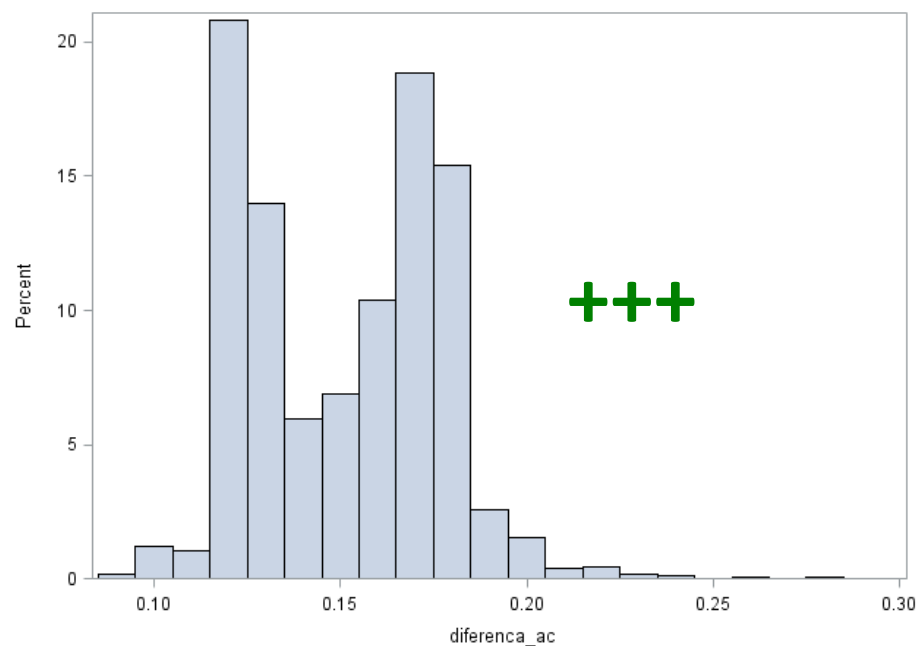
Mayor impacto en reproducción y leche

Diferença entre acurácia e DEP genômica e tradicional de animais jovens

Diferença DEP P455



Diferença de acurácia DEP P455

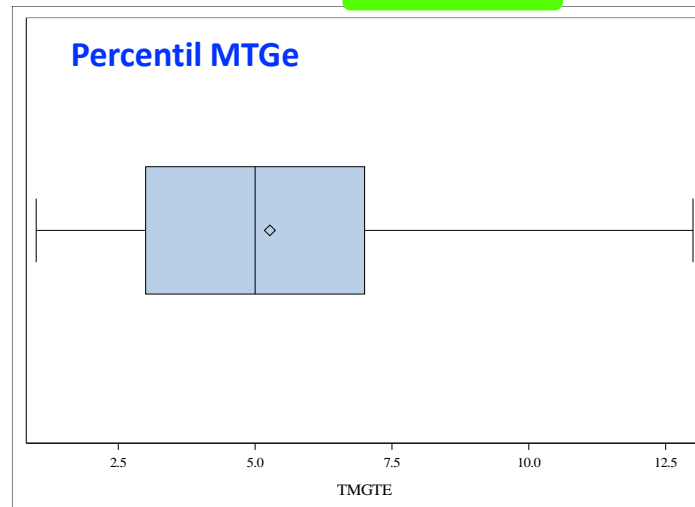
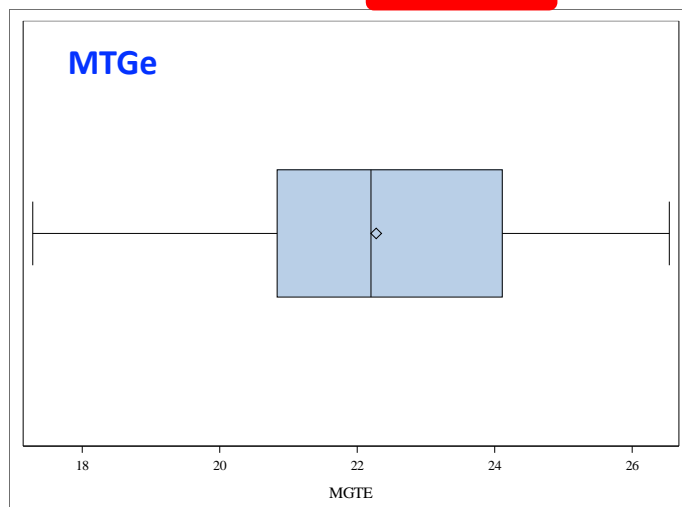


Impacto de la DEP_g en la producción de animales FIV

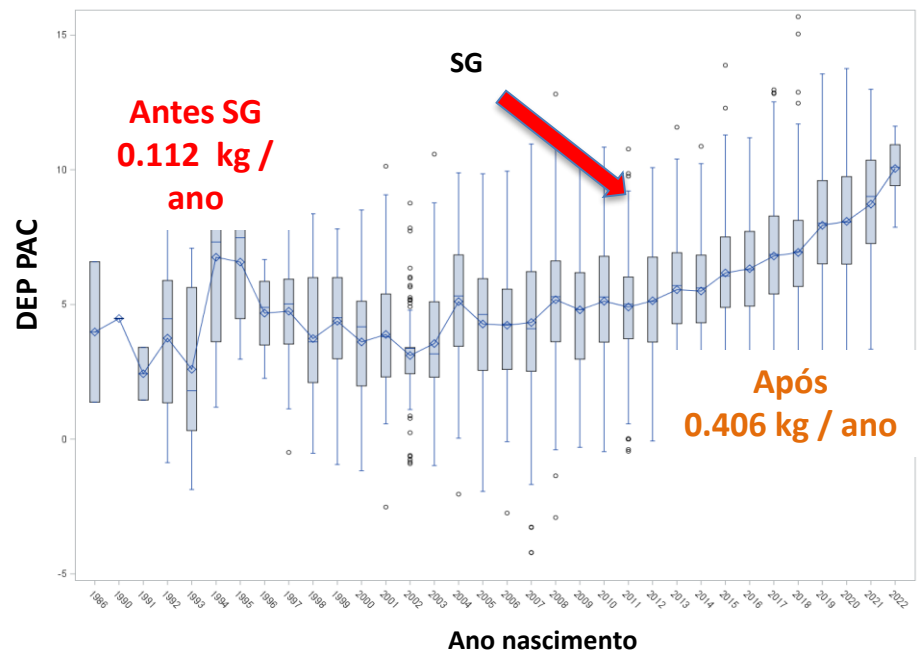
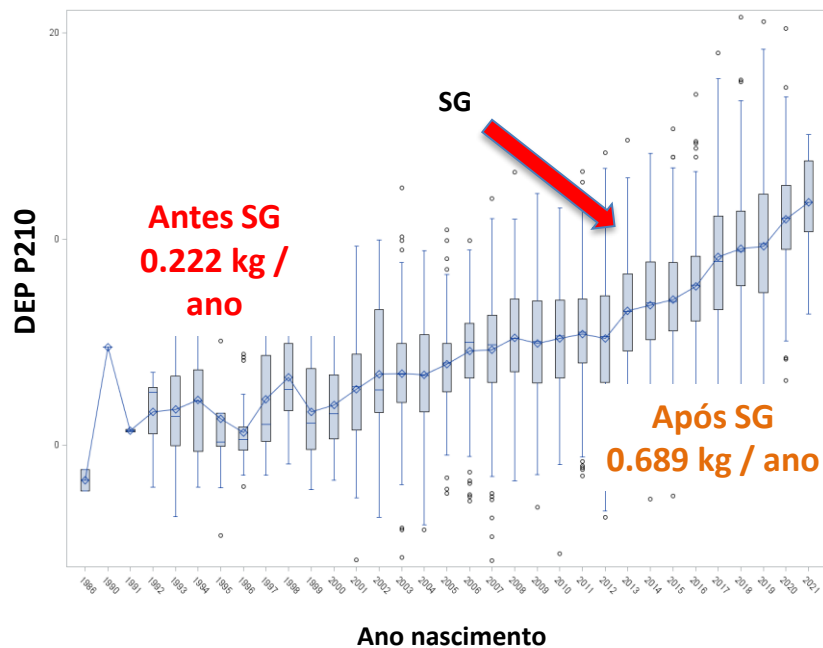
Padre: MTGe=21.8 TMGTe=5% X Madre: MTGe=23.43 TMGTe=3%

52 Productos Genotipados:

Variable	N	Mean	Minimum	Lower Quartile	Upper Quartile	Maximum
MGTE	52	22.28	17.28	20.84	24.11	26.54
TMGTE	52	5.27	1.00	3.00	7.00	13.00

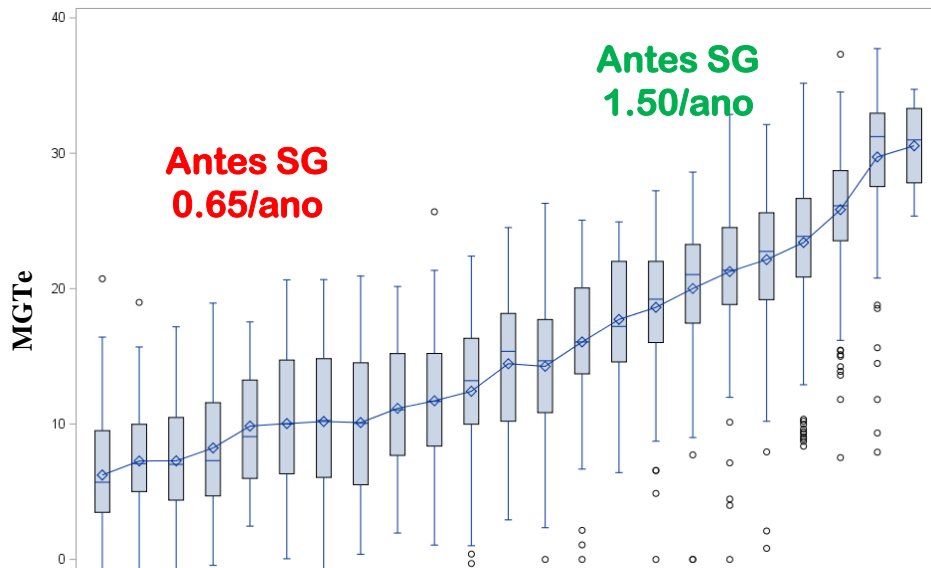


Tendências genéticas para P210 e PAC: Impacto da seleção genômica

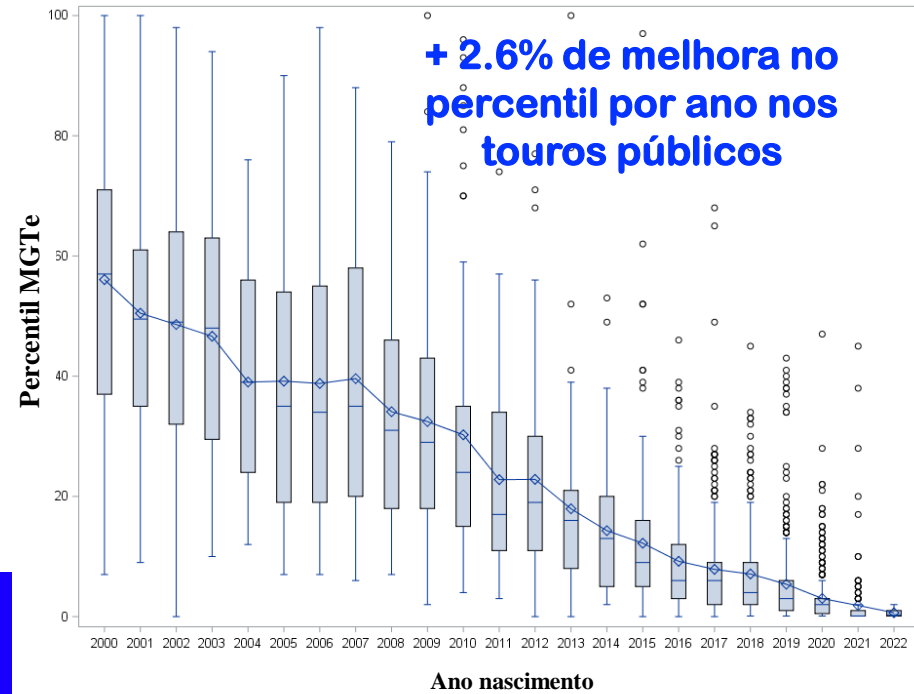


Evolución de MGTe y percentil de toro públicos de MGTe

2840 touros públicos Nelore

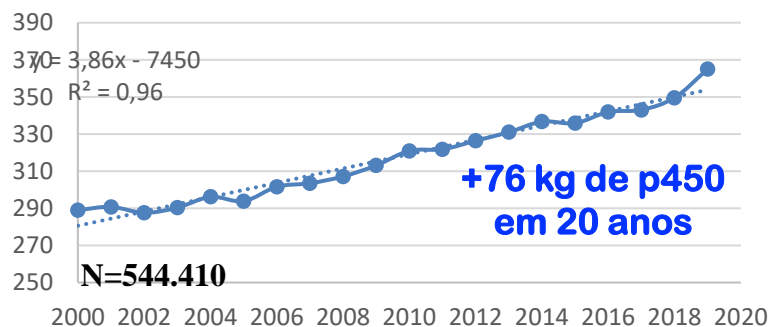


Los toros jóvenes están, en promedio, mejor clasificados

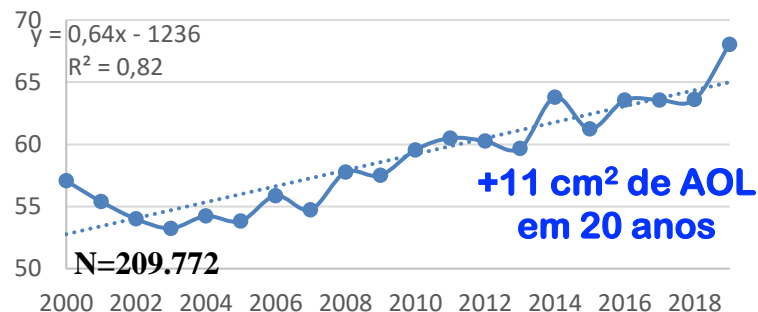


Evolución fenotípica de **progenies de toros públicos**

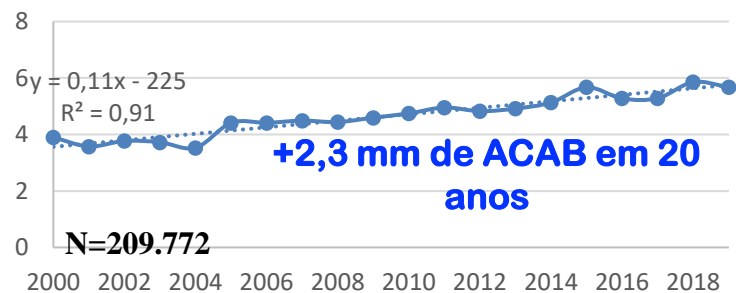
Evolução de p450 de progênes de touros publicos



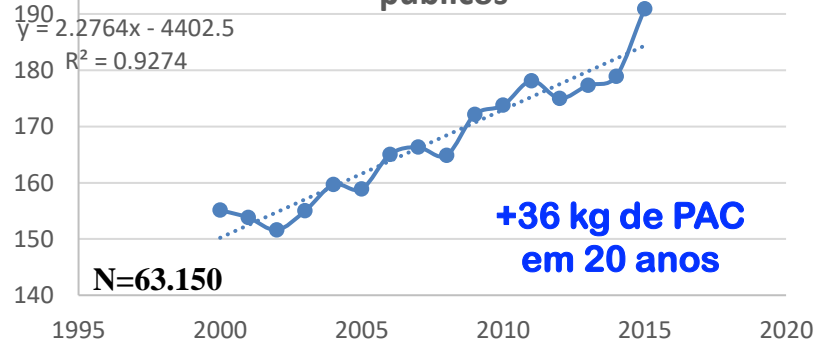
Evolução de AOL de progênes de touros publicos



Evolução de ACAB de progênes de touros publicos



Evolução de PAC de progênes de touros publicos



Avaliação genômica utilizando o método do ssGBLUP

Resultados de pesquisa com dados da ANCP:

Acurácia para P455 obtida pelo BLUP e ssGBLUP para diferentes grupos de animais

Categoria	BLUP	ssGBLUP	%
Todos os animais: 60.325	0,34	0,37	10
Touros: 1363	0,46	0,50	9
Animais genotipados: 3809	0,26	0,53	107
Genotipados com fenótipo: 1973	0,33	0,57	72
Genotipados sem fenótipo: 1836	0,17	0,48	180
Animais jovens: 13.529	0,16	0,24	44
Animais jovens sem genótipo: 12.014	0,16	0,21	25
Animais Jovens com genótipo: 1515	0,16	0,47	189

Habilidade de predição para características reprodutivas



Número de dados e estatística descritiva

Característica	N Total	Mean \pm SD	N Validação
IPP	175.829	32,8 \pm 6,6	835
SC365	239.806	21,158 \pm 2,690	2.522
IPM	10.953	16,444 \pm 3,571	3.378
PP30	152.143	1,295 \pm 0,456	6.187
STAY	505.639	1,312 \pm 0,463	3.328

Habilidade de predição para características reprodutivas

Característica	Viés	Dispersão	Acurácia *
IPP	0,01	0,95	0,95
PE365	-0,135	1,01	0,90
IPM	0,058	0,97	0,66
3P	-0,001	0,90	0,75
STAY	0,015	0,93	0,91

*Correlação DEP genômica vs. DEP genômica + Fenótipo

Seleção de animais jovens e baixo impacto da adição do fenótipo na avaliação final (estabilidade da avaliação genômica)

Prediction ability for carcass traits (REA, RFT and Marbling)

EPD total=Genotipo+Fenotipo

EPD partial=Genotipo

	Correlation (EPD total vs EPD partial)	Bias	Acc GEBV	Acc Adjusted Phenotype
REA	0.95	1.00	0.91	0.85
RFT	0.94	1.00	0.95	0.84
Marbling	0.88	0.78	0.60	0.35

N de treinamento para REA e RFT = 244.209

Validação para REA e RFT = 11.732

N de treinamento marbling = 52.858

Validação para marbling = 4.628

Peripolli et al. (s/p)

The genomic EPD has high predictive ability for carcass traits (pre-weaning)

Genomic prediction for beef tenderness in Nelore beef cattle



Accuracy of genomic breeding values for meat tenderness in Polled Nelore cattle¹

C. U. Magnabosco,* F. B. Lopes,**† R. R. Fragoso,*
E. C. Eifert,* B. D. Valente,† G. J. M. Rosa,† and R. D. Sainz‡

*Embrapa Cerrados, BR 020 Km 18, PO Box 08223, Planaltina, DF – Brazil 73310-970; †Department of Animal Sciences, University of Wisconsin-Madison, Madison 53706; and ‡Depe

Received: 18 October 2019 | Revised: 9 January 2020 | Accepted: 11 January 2020

DOI: 10.1111/jbg.12468

ORIGINAL ARTICLE

Animal Breeding and Genetics | WILEY

Improving genomic prediction accuracy for meat tenderness in Nelore cattle using artificial neural networks

Fernando Brito Lopes^{1,2} | Cláudio U. Magnabosco¹ | Tiago L. Passafaro³ |
Ludmilla C. Brunes⁴ | Marcos F. O. Costa⁵ | Eduardo C. Eifert¹ | Marcelo G. Narciso⁵ |
Guilherme J. M. Rosa^{3,6} | Raysildo B. Lobo⁷ | Fernando Baldi¹

¹Department of Animal Science, São Paulo State University (UNESP), Jaboticabal, Brazil

²Embrapa Cerrados, Brasília, Brazil

³Department of Animal Sciences, University of Wisconsin-Madison, Madison, WI, USA

⁴Department of Animal Science, Federal University of Goiás (UFG), Goiânia, Brazil

⁵Embrapa Rice and Beans, Santo Antônio de Goiás, Brazil

⁶Department of Biostatistics and Medical Informatics, University of Wisconsin-Madison, Madison, WI, USA

⁷National Association of Breeders and Researchers (ANCP), Ribeirão Preto, Brazil

Correspondence

Fernando Brito Lopes, Department of

Animal Science, São Paulo State University

(UNESP), Prof. Paulo Donato Castellane,

Jaboticabal, SP, 14884-900, Brazil.

Email: camul@gmail.com

Funding information

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado

de São Paulo, Grant/Award Number:

2017/03221-9



Genome-enabled prediction of meat and carcass traits using regression, single-step genomic best linear unbiased prediction and blending methods in Nelore cattle

F.B. Lopes^{a,b,*}, F. Baldi^a, T.L. Passafaro^c, L.C. Brunes^d, M.F.O. Costa^e, E.C. Eifert^a, G.J.M. Rosa^{c,f}, R.B. Lobo^g, C.U. Magnabosco^b

^a Department of Animal Science, São Paulo State University - Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Prof. Paulo Donato Castellane, Jaboticabal

^b Embrapa Cerrados, BR-020, 18, Sobradinho, Brasília, DF 70770-901, Brazil

^c Department of Animal Sciences, University of Wisconsin-Madison, Madison, WI 53705, USA

^d Department of Animal Science, Federal University of Goiás, Goiânia, GO 73345-000, Brazil

^e Embrapa Rice and Beans, CO-462, km 12, Santo Antônio de Goiás, GO 75375-000, Brazil

^f Department of Biostatistics and Medical Informatics, University of Wisconsin-Madison, Madison, WI 53706, USA

^g National Association of Breeders and Researchers, Ribeirão Preto 14020-230, Brazil

ARTICLE INFO

Article history:

Received 2 January 2020

Received in revised form 5 June 2020

Accepted 8 June 2020

Available online xxxxx

Keywords:

Beef cattle

Genomic prediction

Multiple-trait

Warner–Bratzler shear force

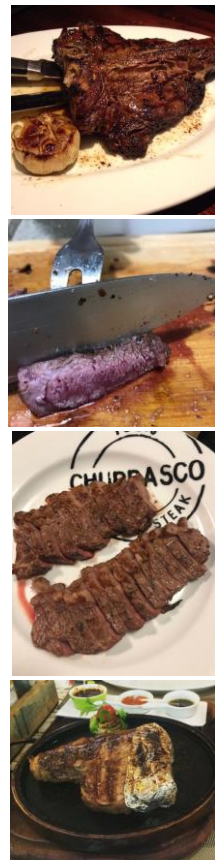
ABSTRACT

Several methods have been used for genome-enabled prediction of meat and carcass traits, including multiple regression models describing a target trait with genomic selection studies have been focused mostly on single-traits genetically correlated, and an increase in prediction accuracy of related traits is expected when using multiple-trait models. The aim of this study was to evaluate the accuracy of genomic prediction for carcass and meat quality traits in Nelore cattle. The study considered 15 780, 15 784, 15 742 and 15 742 animals from the Nelore Brazil Breeding Program. Animals were genotyped with a SNP panel and subsequently imputed to arrays with genomic regression models, namely, Bayes A, Bayes B, Bayes C, BLUP, and single-step genomic best linear unbiased prediction (SS-GBLUP). The accuracy of genomic prediction for carcass and meat quality traits was evaluated using a fivefold cross-validation. The accuracy of genomic prediction for carcass and meat quality traits was 0.35 and from 0.21 to 0.46 for RF and WBSF on single- and multiple-trait models, respectively. The accuracy of genomic prediction for carcass and meat quality traits was similar using the difference between the multiple-trait model and the single-trait model. This study has shown the impact of genomic information upon genetic evaluations in beef cattle using the multiple-trait model, which was also advantageous compared to the single-trait model because it accounted for the selection process using multiple traits at the same time. The advantage of multi-trait analyses is attributed to the consideration of correlations and genetic influences between the traits, in addition to the non-random association of alleles.

ABSTRACT: Zebu (*Bos indicus*) cattle Nelore breed, comprise more than 8 million cattle in Brazil, given their tolerance of heat and high resistance to ectoparasite infestations for production in tropical regions. Traditional genetic selection for meat tenderness is constrained by the difficulty of phenotypic evaluation for meat quality traits. Genomic selection may be the best strategy for meat quality traits. This study was performed to compare the accuracies of different Bayesian models in predicting molecular breeding values for meat tenderness in Polled Nelore cattle. The study was composed of Warner–Bratzler shear force of longissimus muscle from 205, 141, and 201 animals, slaughtered in 2005, 2010, and 2015, which were selected and mated so as to avoid segregation for WBSF. The animals were genotyped with either the Illumina BovineHD 50K chip or the GeneSeek Genomic Profiler (GGP Indicus HD, 77,000 SNPs). The quality controls of SNP were performed. The proportion of SNPs with P -value $\geq 0.1\%$, minor allele frequency $\geq 1\%$, and call rate $> 90\%$. The FImpute program was used for imputation of the GGP Indicus HD.

Key words: Bayesian regression

© 2016 American Society of Animal Science



Fapesp funding 2017/03221-9



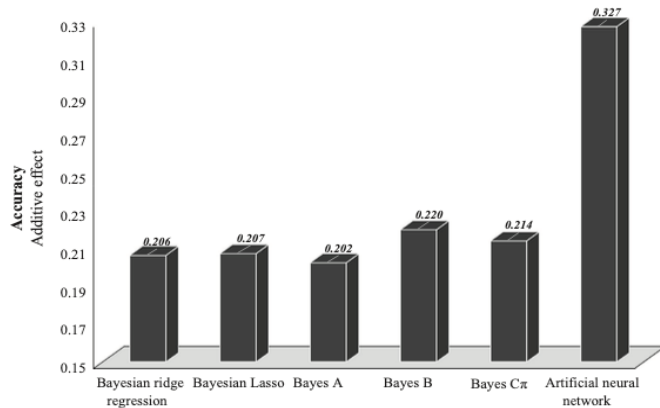
Genomic prediction for beef tenderness in Nelore beef cattle



Prediction ability of ridge regression method using all markers available (376k) and preselected markers (5k).

Prediction Ability	Fold*				Mean
	F1	F2	F3	F4	
RR-BLUP_376k (EBV x DGV)	0.38	0.35	0.35	0.38	0.37±0.10
RR-BLUP_376k (\check{y} x DGV)	0,08	0,06	0,05	0,09	0.07±0.11
RR-BLUP_5k (EBV x DGV)	0.45	0.45	0.45	0.46	0.45±0.09
RR-BLUP_5k (\check{y} x DGV)	0.26	0.27	0.26	0.28	0.27±0.09

EBV= Estimated Breeding Value obtained using the complete data set; DGV= Direct genomic value; *Average of 20 replicates.



Estimates of correlation between beef tenderness and genomic breeding values predicted

Lopes et al. (2019)

NOME	GEN	PAI	MAC		
			DEP	AC	TOP
RECOMENDADO OB		OBG 588	-0.135	29	0.1%
MOGNO OB		OBG 588	-0.095	42	0.1%
TALCO OB		OBG 775	-0.093	29	0.1%
SONOLENTO OB	G	HA620	-0.090	47	0.1%
AUSTIN DE CV	G	MANA C256	-0.071	46	0.1%
VETERANO FIV DE CV	G	CVCV 201	-0.068	56	0.1%
APOGEU DE NAVIRAI		CSCM 148	-0.067	46	0.1%
METEORO OB		OBG 588	-0.064	39	0.1%
TANADO FIV DE CV	G	CSCM 331	-0.063	46	0.1%
SETUBAL FIV DE CV	G	ESL 151	-0.060	45	0.1%
QUADRADA DE CV	G	CSCM 163	-0.057	58	0.1%
HELIX CERRADOS	G	OBG 775	-0.051	41	0.1%
LIMINHA DE CV		CSCM 148	-0.050	28	0.1%
XE 40 DA BACURI		MGL 120	-0.047	42	0.1%
QUARAÇÁ 34 DA BACURI		MGL 53	-0.040	56	0.5%
STALONE FIV DE CV	G	I111	-0.036	47	0.5%
AVESSO DA BELA	G	I111	-0.035	50	0.5%
SANSAO DE CV	G	CVCV 201	-0.035	46	0.5%
XE 11 DA BACURI		MGL 115	-0.034	41	0.5%
XINGU DE CV	G	CVCV 798	-0.033	48	0.5%
MINUANO AGMN 0906	G	MGL 96	-0.032	42	0.5%
MONARCA FIV DA BELA	G	C688	-0.032	37	0.5%
JUBILOSO DE CV		F990	-0.031	45	0.5%
MACUNI DO SALTO	G	G519	-0.030	48	0.5%
BRONZEADO OB		OBG 384	-0.030	27	0.5%
SUMO FIV DE CV	G	CVCV 223	-0.029	50	0.5%
URUBATÁ 7 DA BACURI		MGL 120	-0.029	42	0.5%
CROMO JR TAR		CSCM 331	-0.028	21	0.5%
XYSTO FIV DE CV	G	CVCV 798	-0.028	21	0.5%



Genomic prediction for healthy beef production in tropics



CSIRO PUBLISHING

Animal Production Science
<http://dx.doi.org/10.1071/AN16107>

Genetic parameters for fatty acids in intramuscular fat from feedlot-finished Nelore carcasses

Carolyn Aboujaoude^A, Angélica Simone Cravo Pereira^B, Fabieli Louise Braga Fei Marcos Vinicius Antunes de Lemos^A, Hermenegildo Lucas Justino Chiaia^A, Mariana Piatto Berton^{A,E}, Elisa Peripolli^A, Rafael Medeiros de Oliveira Silva^A, Adrielle Mathias Ferrinho^B, Lenise Freitas Mueller^C, Bianca Ferreira Olivieri^A, Lucia Galvão de Albuquerque^{A,D}, Henrique Nunes de Oliveira^{A,D}, Humberto To Rafael Espigolan^A, Rafael Tonussi^A, Daniel Mansan Gordo^A, Ana Fabricia Braga M and Fernando Baldi^{A,D}

DOI: 10.1071/AN16107

ANIMAL GENETICS • ORIGINAL PAPER

Genetic correlation estimates between beef fatty acid profile with meat and carcass traits in Nelore cattle

Fabieli Louise Braga Feitosa¹ · Bianca Ferreira Olivieri¹ · Carolyn Aboujaoude¹ · Angélica Simone Cravo Pereira² · Marcos Vinicius Antunes de Lemos¹ · Hermenegildo Lucas Justino Chiaia¹ · Mariana Piatto Berton¹ · Elisa Peripolli¹ · Adrielle Mathias Ferrinho² · Lenise Freitas Mueller³ · Mônica Roberta Maz Lucia Galvão de Albuquerque^{1,5} · Henrique Nunes de Oliveira^{1,5} · Humberto Rafael Espigolan¹ · Rafael Lara Tonussi¹ · Rafael Medeiros de Oliveira Sil Daniel Gustavo Mansan Gordo¹ · Ana Fabricia Braga Magalhães¹ · Ignaci Fernando Baldi^{1,5}



Contents lists available at ScienceDirect

Meat Science

journal homepage: www.elsevier.com/locate/meatsci



Genomic prediction for beef fatty acid profile in Nelore cattle

Hermenegildo Lucas Justino Chiaia^{a,*}, Elisa Peripolli^a, Rafael Medeiros de Oliveira Silva^a, Carolyn Aboujaoude^a, Fabiele Loise Braga Feitosa^a, Marcos Vinicius Antunes de Lemos^a, Mariana Piatto Berton^a, Bianca Ferreira Olivieri^a, Rafael Espigolan^a, Rafael Lara Tonussi^a, Daniel Gustavo Mansan Gordo^a, Tiago Bresolin^a, Ana Fabricia Braga Magalhães^a, Gerardo Alves Fernandes Júnior^a, Lúcia Galvão de Albuquerque^a, Henrique Nunes de Oliveira^a, Joyce de Jesus Mangini Furlan^b, Adrielle Mathias Ferrinho^b, Lenise Freitas Mueller^c, Humberto Tonhati^a, Angélica Simone Cravo Pereira^b, Fernando Baldi^a

^a Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP, 14884-000, Brazil
^b Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, USP, Pirassununga, SP, 13635-900, Brazil
^c Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, USP, Pirassununga, SP, 13635-900, Brazil

BMC GENOMICS

RESEARCH ARTICLE

Open Access

Gene expression profile of intramuscular muscle in Nelore cattle with extreme values of fatty acid

Mariana P. Berton¹, Larissa F. S. Fonseca¹, Daniela F. J. Gimenez¹, Bruno L. Utembergue², Aline S. M. Cesar³, Luiz L. Coutinho^{3,5}, Marcos Vinicius A. de Lemos¹, Carolyn Aboujaoude¹, Angélica S. C. Pereira², Rafael M. de O Silva¹, Nedenia B. Stafuzza¹, Fabieli L. B. Feitosa¹, Hermenegildo L. J. Chiaia¹, Bianca F. Olivieri¹, Elisa Peripolli¹, Rafael L. Tonussi¹, Daniel M. Gordo¹, Rafael Espigolan¹, Adrielle M. Ferrinho², Lenise F. Mueller³, Lucia G. de Albuquerque^{1,5}, Henrique N. de Oliveira^{1,5}, Susan Duckett⁶ and Fernando Baldi^{1,5*}



... Oliveira¹, Daniel M. Gordo¹, Rafael Tonhati¹, Susan Duckett⁶



... Oliveira¹, Daniel M. Gordo¹, Rafael Tonhati¹, Susan Duckett⁶

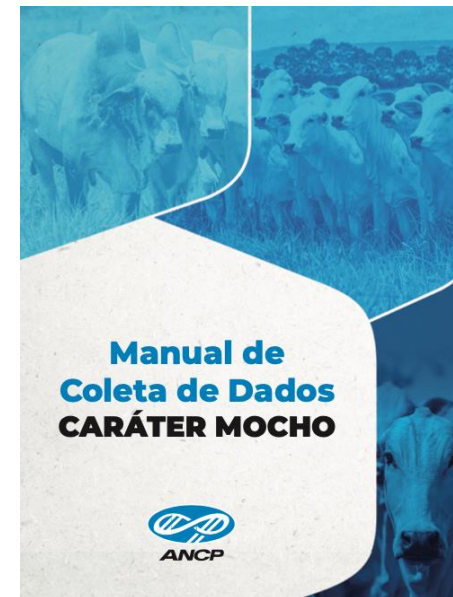
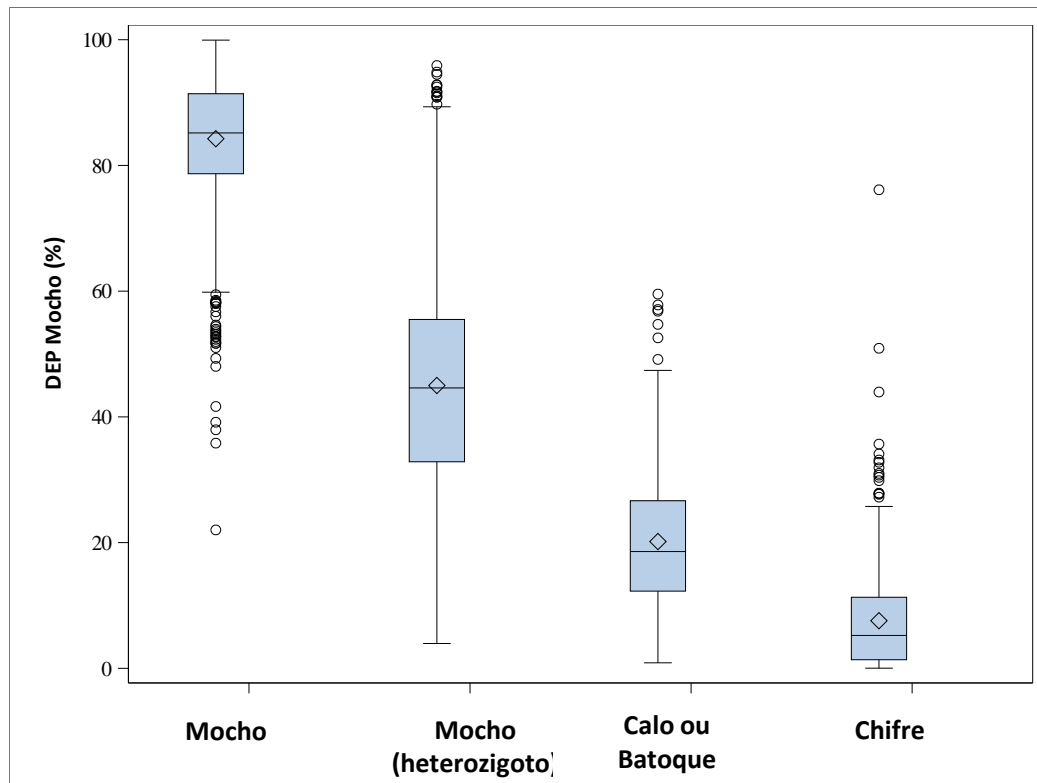
Fapesp funding 2011/21241-0

Resposta em acurácia para CAR em animais jovens da raça Nelore

Acurácia para consumo alimentar residual (CAR) obtida pelo BLUP e ssGBLUP

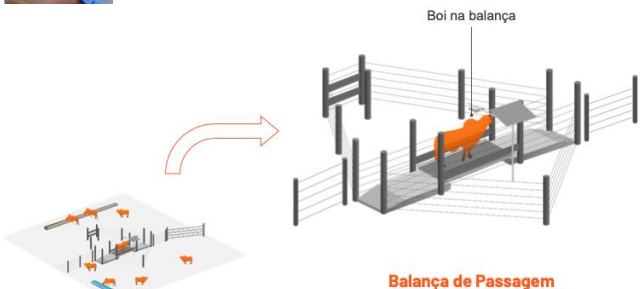
Categoria	BLUP	ssGBLUP	Resposta %
Animais jovens com fenótipos e genótipos	0.26	0.42	63%
Animais jovens com fenótipos e sem genótipos	0.26	0.32	22%
Animais jovens sem fenótipos e com genótipos	0.15	0.36	134%

DEP para Característica Mocho: Nueva herramienta para valorar Mocho Nelore

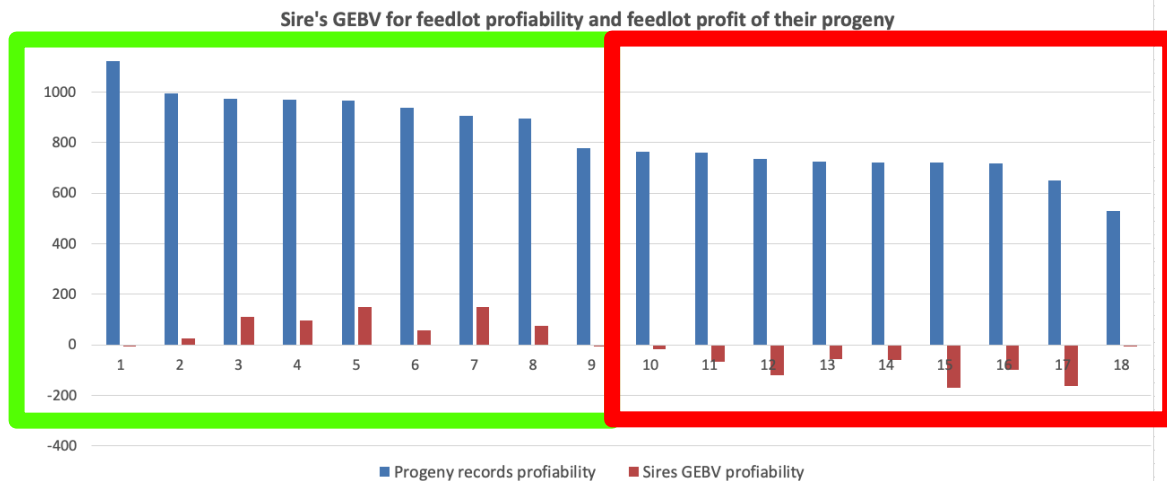




Lucratividade do confinamento: ponto de abate ideal R\$

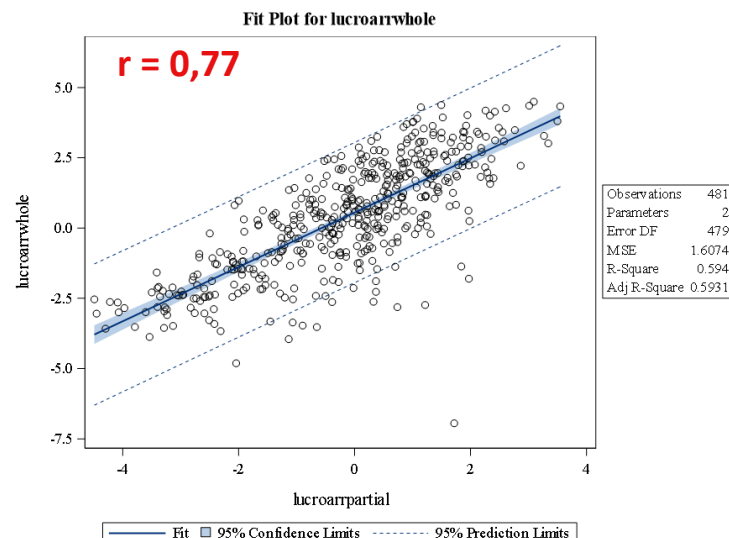
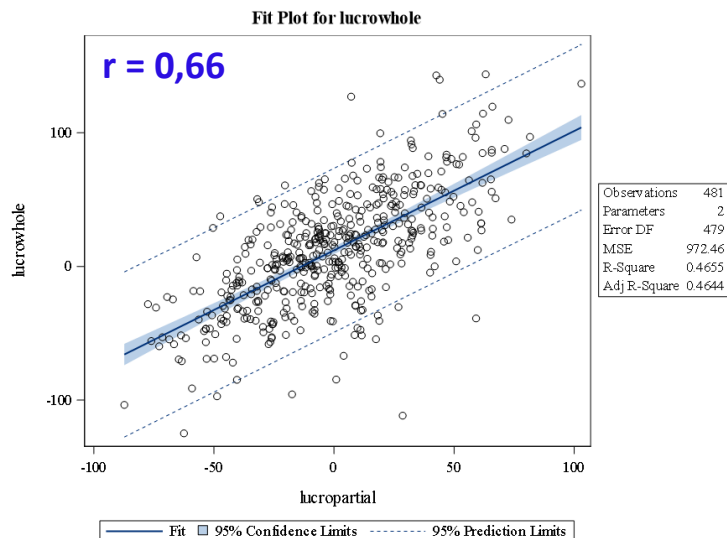


Heritability - h^2d
Feedlot Profitability 0.34



Capacidade de predição do lucro no confinamento usando apenas o **genótipo (DEP para lucro)**

- ✓ 3631 animais com fenótipo de lucro
- ✓ 17771 animais com genótipo
- ✓ 481 animais com genótipo e fenótipo



Capacidade de predição de rentabilidade em confinamento comercial



Identificação de animais de maior lucratividade



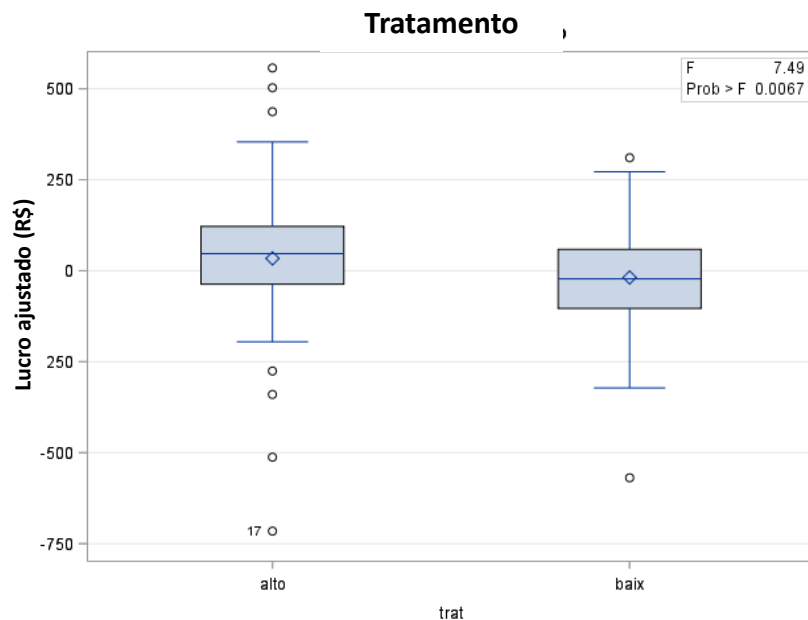
$$\text{GEBV}_{\text{young}} \approx \text{DGV} = \hat{Z}^{\hat{a}}$$

Ecuación de predicción de la rentabilidad en confinamiento

Capacidade de predição do lucro no confinamento usando apenas o **genótipo (DEP para lucro)**

✓ DEP lucro (genótipo) $\leq -22.47 \Rightarrow$ **Baixo (N=120)**

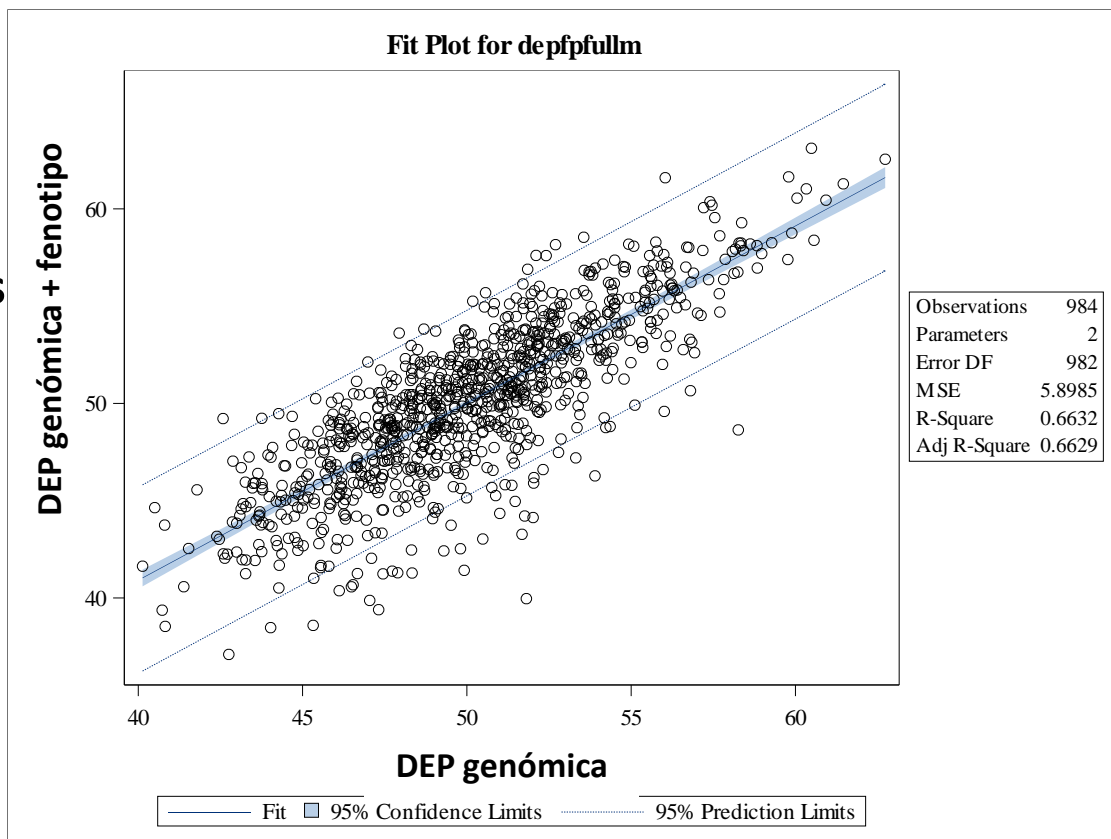
✓ DEP lucro (genótipo) $\geq +20.46 \Rightarrow$ **Alto (N=120)**



Tratamento	Lucro ajustado (R\$)
alto	33.73a
baixo	-18.69b

Próxima DEPg: Facilidad de parto en Vaquillonas

- 26.011 datos de FP
 - 6.7% de Dificultad en vaquillonas precoces
 - 1.2% de Dificultad en vaquillonas tradicionales
- $h^2: 0.22$ $h_m^2: 0.17$



Predicções genômicas para rasgos de importância produtiva em metapoblaciones de razas de cebú de carne



Suporte financeiro:

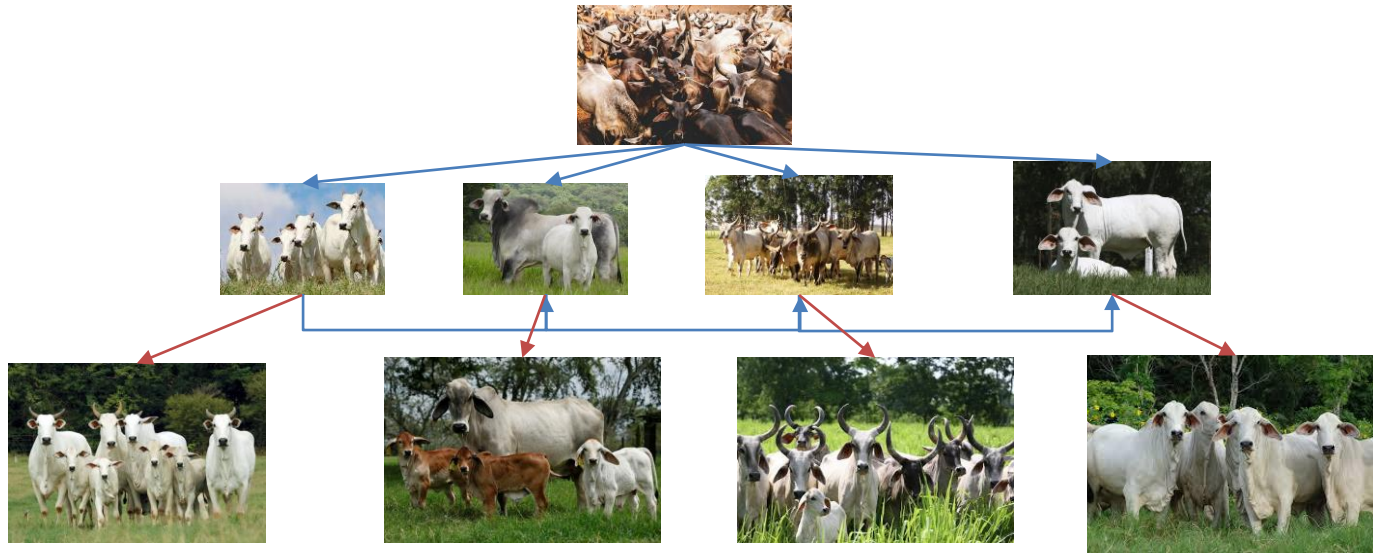


Parceiras técnico/acadêmicos:



Evaluación genómica multirracial con metafundadores

Identificamos antiguas relaciones de parentesco



La información entre diferentes razas está conectada da a través de regiones genómicas heredadas comunes, que se originan en el mismo ancestral común o ancestrales relacionados

Estructura genómica de la metapoblación

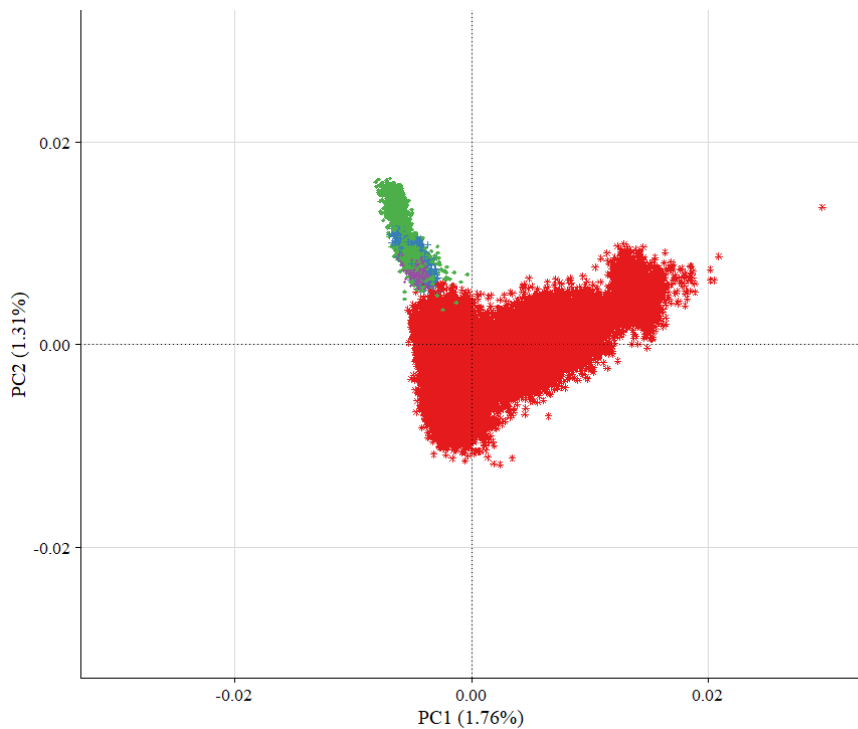


Figura 1: 1: Nelore; 2: Guzerá; 4: Brahman; 8: Tabapuã.

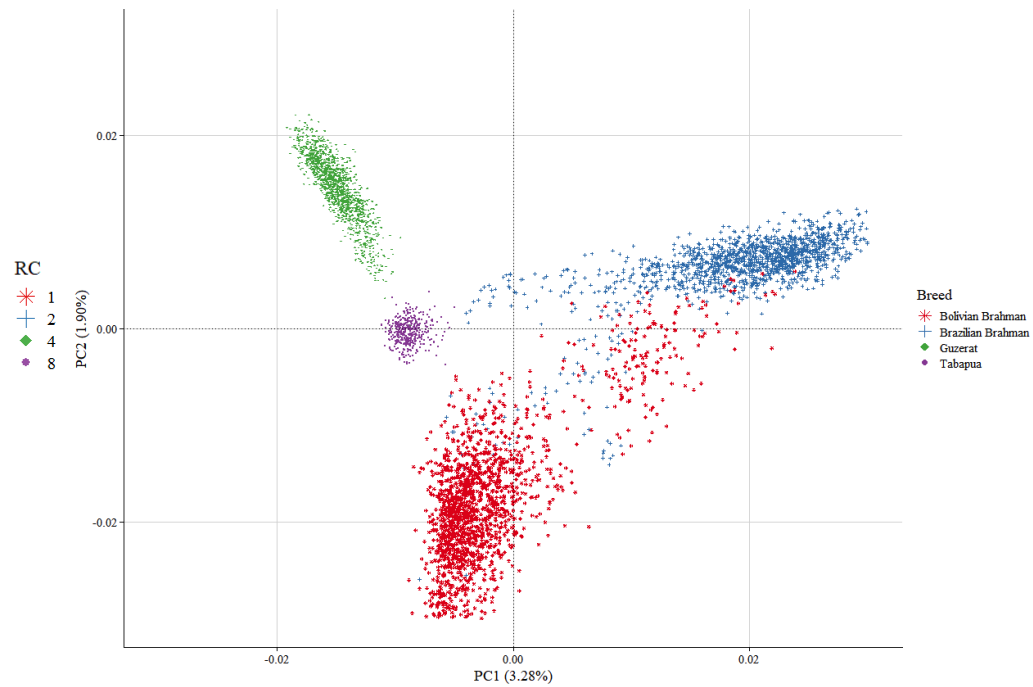


Figura 2: 2: Guzerá; 4: Brahman; 8: Tabapuã.

Capacidad predictiva del genotipo: animales jóvenes

Habilidad de predicción (viés, dispersão e acurácia) dos modelos uniracial e multirracial utilizando os metafundadores nas raças Nelore, Brahman e Guzerá¹

Característica	Modelo	Brahman			Guzera			Tabapua			Nelore		
		Habilidade de predição	inflação	viés	Habilidade de predição	inflação	viés	Habilidade de predição	inflação	viés	Habilidade de predição	inflação	viés
AOL	Uniracial	0,19	0,89	0,12	0,18	0,71	0,33	0,16	1,01	0,13	0,65	1,19	0,04
	Multirracial	0,51	0,96	0,02	0,55	0,98	0,01	0,50	1,03	0,04	0,57	1,13	0,03
ACAB	Uniracial	0,33	1,01	0,05	0,44	1,23	0,00	0,17	1,17	0,03	0,99	0,96	0,02
	Multirracial	0,71	0,87	0,05	0,65	0,93	0,02	0,63	0,78	-0,03	0,99	0,96	0,02
P210	Uniracial	0,47	1,05	0,06	0,48	0,98	0,00	0,05	-0,05	0,07	0,76	1,02	0,79
	Multirracial	0,69	0,95	0,08	0,68	0,91	-0,04	0,58	1,00	0,09	0,75	0,96	0,14
P450	Uniracial	0,62	1,16	0,10	0,80	1,12	0,06	0,37	0,95	0,02	0,99	0,99	0,03
	Multirracial	0,91	0,99	0,09	0,99	0,97	-0,01	0,76	0,79	-0,13	0,99	0,99	0,03
IPP	Uniracial	0,54	0,94	0,10	0,53	1,06	-0,05	0,31	1,37	-0,05	0,56	0,95	0,01
	Multirracial	0,60	0,93	0,05	0,63	1,02	-0,003	0,45	1,37	-0,03	0,54	0,95	0,001
PE365	Uniracial	0,50	1,20	0,09	0,19	1,68	0,38	0,23	0,74	0,02	0,99	1,00	0,05
	Multirracial	0,60	0,94	0,13	0,50	0,73	0,03	0,56	0,99	-0,07	0,99	1,00	0,05

¹Uniracial: Modelo ssGBLUP específico para cada raça ou uniracial; Multirracial: Modelo ssGBLUP multirracial incluindo metafundadores (1 metafundador para cada raça);

Mayor impacto en razas con poblaciones de referencia más pequeñas

Amplitud de DEP genómica: animales jóvenes

Estadística descriptiva das DEPs genômicas em animais jovens sem fenotipo e com genótipo obtidas pelos modelos uniracial e multirracial utilizando os metafundadores nas raças Nelore, Brahman e Guzera¹

Característica	Modelo	Brahman				Guzera				Tabapua				Nelore			
		Média	Min	Max	Amplitude	Média	Min	Max	Amplitude	Média	Min	Max	Amplitude	Média	Min	Max	Amplitude
AOL	Uniracial	1.05	-0.75	2.90	3.66	1.42	-0.62	4.16	4.78	0.91	-0.41	2.23	2.64	0.96	-5.87	7.40	13.27
	Multirracial	0.74	-3.94	4.86	8.80	1.66	-4.12	7.74	11.85	0.73	-2.38	5.32	7.71	0.87	-5.17	6.90	12.07
ACAB	Uniracial	0.21	-0.26	1.03	1.29	0.18	-0.56	1.28	1.84	0.09	-0.17	0.27	0.44	0.25	-2.39	2.72	5.10
	Multirracial	0.25	-1.78	1.61	3.39	0.07	-1.53	1.73	3.25	0.08	-1.45	1.42	2.87	0.23	-2.42	2.72	5.14
P210	Uniracial	8.73	-4.03	22.06	26.08	10.03	-3.95	22.23	26.18	6.98	2.31	12.34	10.03	5.96	-20.77	35.06	55.83
	Multirracial	9.71	-12.78	29.24	42.01	8.03	-8.52	28.44	36.96	5.47	-7.06	20.29	27.35	5.57	-22.16	35.60	57.76
P450	Uniracial	10.73	-14.34	22.47	36.81	10.28	-6.48	27.61	34.09	8.51	1.53	19.53	18.00	7.98	-29.64	49.04	78.67
	Multirracial	7.23	-18.54	33.35	51.90	6.48	-20.61	31.61	52.22	7.26	-13.57	25.83	39.40	6.98	-30.47	46.64	77.11
IPP	Uniracial	0.03	-2.12	1.24	3.36	-0.47	-2.05	1.19	3.24	-0.31	-1.01	0.42	1.43	-0.13	-2.12	1.99	4.11
	Multirracial	1.14	-1.32	2.93	4.25	0.43	-1.66	2.73	4.39	0.35	-0.86	1.87	2.73	-0.05	-2.03	1.81	3.84
PE365	Uniracial	0.32	-0.88	1.68	2.57	0.04	-0.35	0.55	0.90	-0.00	-0.90	0.92	1.81	2.10	-1.98	5.25	7.24
	Multirracial	1.78	0.12	3.67	3.55	1.66	-0.05	3.32	3.37	1.31	-0.43	3.01	3.44	1.91	-2.14	4.99	7.13

¹Uniracial: Modelo ssGBLUP específico para cada raça ou uniracial; Multirracial: Modelo ssGBLUP multirracial incluindo metafundadores (1 metafundador para cada raça);

Mayor amplitud en las DEP de animales jóvenes en razas con poblaciones de referencia pequeñas

O próximo desafio: Parentesco genômico

- Podemos utilizar a informação genômica para “recuperar” parentesco;
- Potencial para a avaliação de rebanhos comerciais e situações com paternidade incerta;
- A partir do parentesco genômico é possível quantificar a endogamia genômica.

Seleção genômica

- Parentesco entre animais mais confiável

Pedigre Tradicional



ADSA Joint meeting 2007 (10)

VanRaden & Tooker

Pedigre Genômico

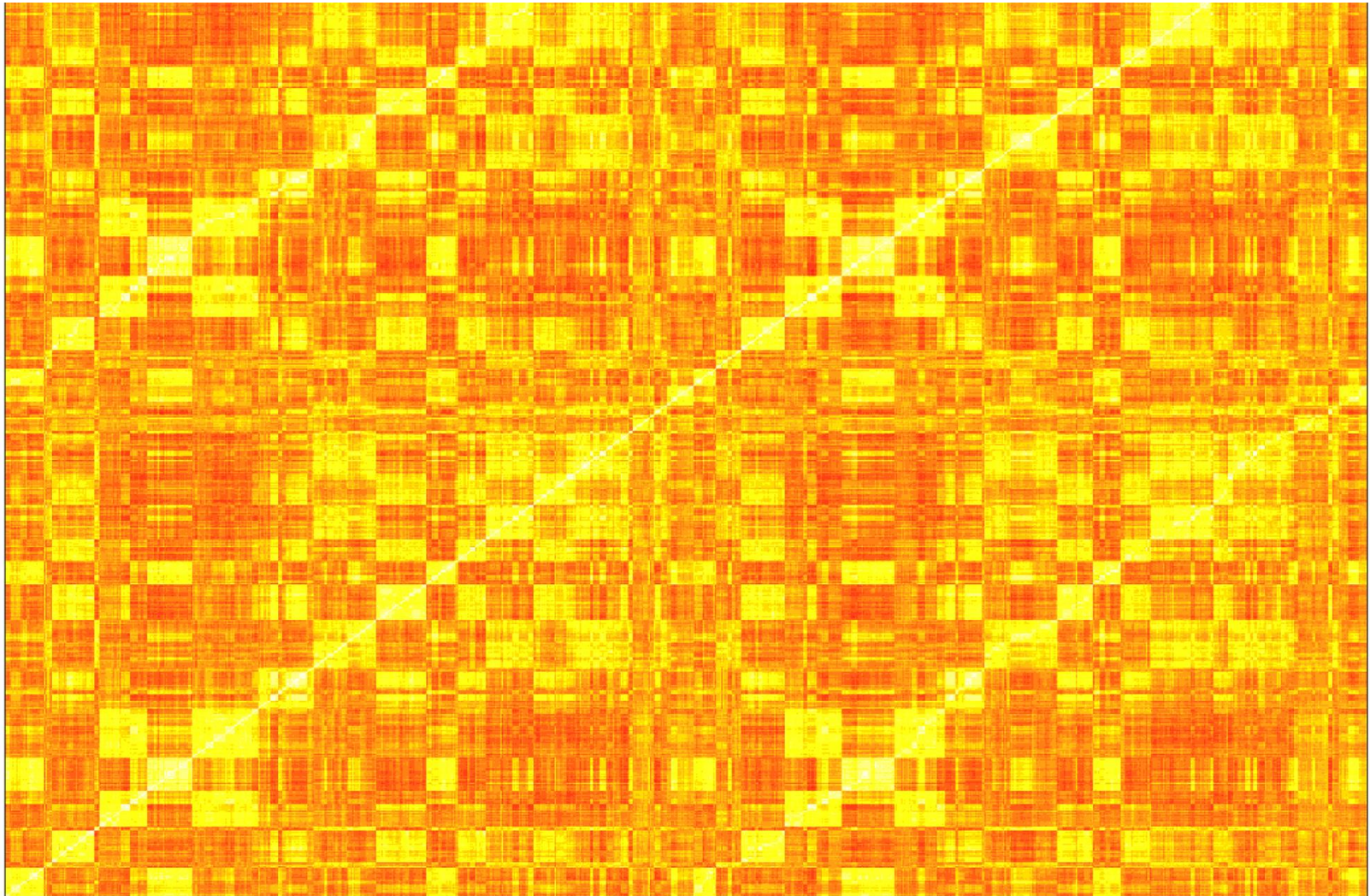


USDA
2007
es

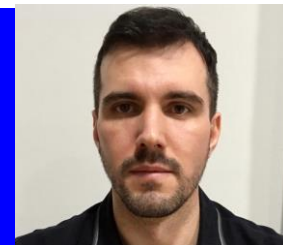
Matriz de parentesco tradicional

1.	0.	0.	0.	0.5	0.	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.	1.	0.	0.	0.5	0.	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.	0.	1.	0.	0.	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.	0.	0.	1.	0.	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.5	0.5	0.	0.	1.	0.	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.	0.	0.5	0.5	0.	1.	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	1.	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	0.5	1.	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	0.5	0.5	1.	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	1.	0.5	0.5	0.5	0.5	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	1.	0.5	0.5	0.5	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	1.	0.5	0.5	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	0.5	1.	0.5	0.	0.	0.	0.	0.	0.
0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	1.	0.	0.5	0.5	0.5	0.5
0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	1.	0.5	0.5	0.5	0.5
0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.5	0.5	1.	0.5	0.75	0.75
0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.5	0.5	0.5	1.	0.75	0.75
0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.5	0.5	0.75	0.75	1.25	0.75
0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.	0.5	0.5	0.75	0.75	0.75	1.25

Matriz de parentesco genômica



Genomic evaluation in commercial beef cattle populations



EBV and GEBV for W450 in Nellore animals from commercial herds with different pedigree structures (N = 974 animals) ¹

		% de maes conhecidas									
		100		75		50		25		0	
		BLUP	ssGBLUP	BLUP	ssGBLUP	BLUP	ssGBLUP	BLUP	ssGBLUP	BLUP	ssGBLUP
% touro conhecidos	100	0.14	0.35	0.14	0.35	0.13	0.35	0.13	0.34	0.12	0.34
	75	0.11	0.34	0.11	0.34	0.10	0.34	0.10	0.34	0.09	0.34
	50	0.08	0.34	0.07	0.34	0.07	0.34	0.06	0.33	0.06	0.33
	25	0.05	0.33	0.04	0.33	0.04	0.33	0.06	0.33	0.03	0.33
	0	0.02	0.32	0.01	0.32	0.009	0.32	0.005	0.32	-	0.32

¹ Foram realizadas 10 repetições para cada cenário. Total 454 análises

EBV and GEBV bias for P450 in Nellore animals from commercial herds with different pedigree structures (N = 974 animals) ¹

		% de maes conhecidas									
		100		75		50		25		0	
		BLUP	ssGBLUP	BLUP	ssGBLUP	BLUP	ssGBLUP	BLUP	ssGBLUP	BLUP	ssGBLUP
% touro conhecidos	100	1.00	0.95	0.94	0.94	0.88	0.93	0.82	0.90	0.75	0.90
	75	0.81	0.92	0.75	0.93	0.70	0.87	0.64	0.90	0.56	0.88
	50	0.62	0.89	0.59	0.88	0.49	0.87	0.43	0.86	0.37	0.85
	25	0.44	0.84	0.37	0.83	0.32	0.82	0.28	0.81	0.17	0.81
	0	0.25	0.76	0.20	0.76	0.14	0.75	0.09	0.75	0	0.74

¹ Foram realizadas 10 repetições para cada cenário. Total 454 análises

Avaliação genômica de rebanhos comerciais utilizando diferentes estratégias

Duas abordagens ou estratégias para avaliação genômica:

1) **ssGBLUP_comercial**: Animais “cara limpa” com painel ZL5

2) **ssGBLUP_comercial+registrado**: Animais “cara limpa”+ animais registrados

Característica	Estratégia	N_Dados	N_Genótipos	Acurácia	% Aumento
IPP	ssGBLUP_comercial ¹	53.866	2.017	0,28	46
	ssGBLUP_comercial+registrado ²	456.951	2.017(12.206)	0,41	
PAC	ssGBLUP_comercial	18.759	2.017	0,27	48
	ssGBLUP_comercial+registrado ²	181.871	2.017(12.206)	0,40	
MP120	ssGBLUP_comercial	143.614	2.017	0,28	46
	ssGBLUP_comercial+registrado ²	1.085.945	2.017(12.206)	0,41	
DP120	ssGBLUP_comercial	143.614	2.017	0,31	42
	ssGBLUP_comercial+registrado ²	1.085.945	2.017(12.206)	0,44	
P455	ssGBLUP_comercial	124.169	2.017	0,31	45
	ssGBLUP_comercial+registrado ²	840.145	2.017(12.206)	0,45	

¹272534 animais no pedigree

²1.757.011 animais no pedigree




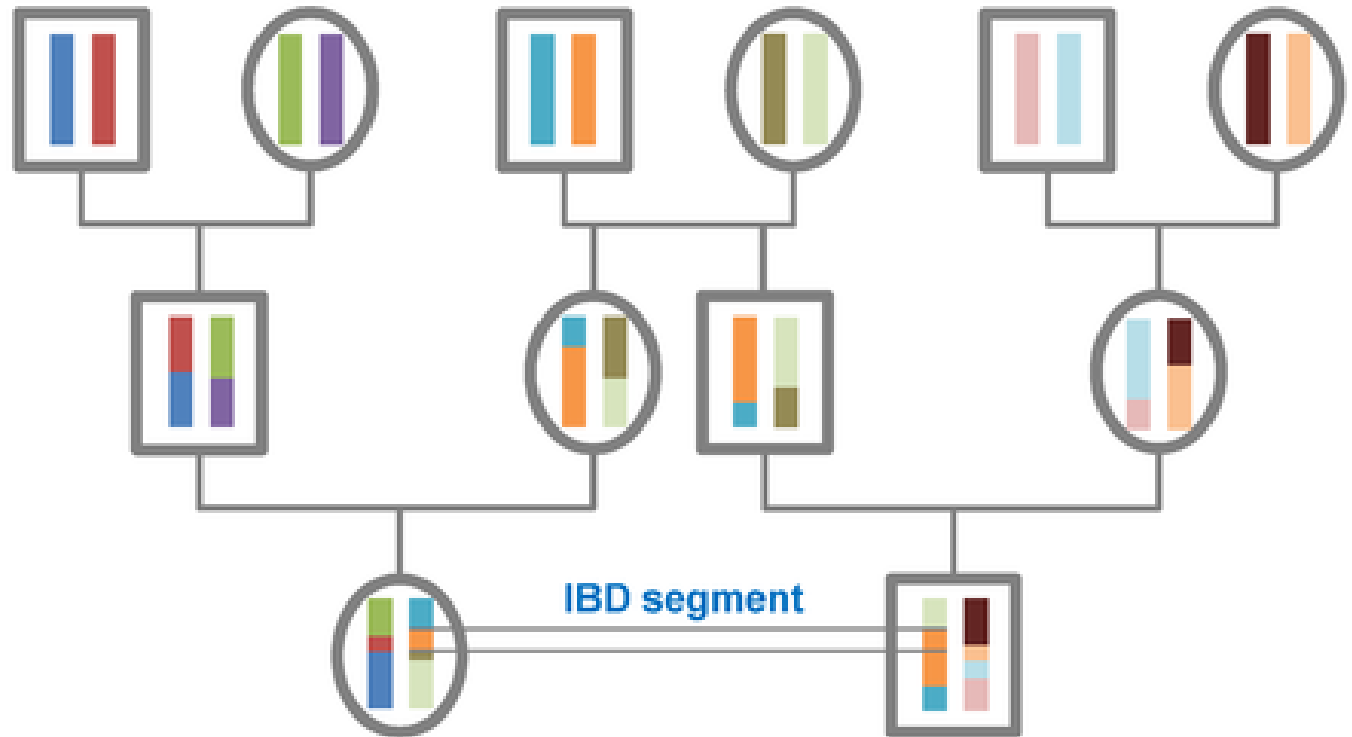
RESEARCH ARTICLE

Open Access

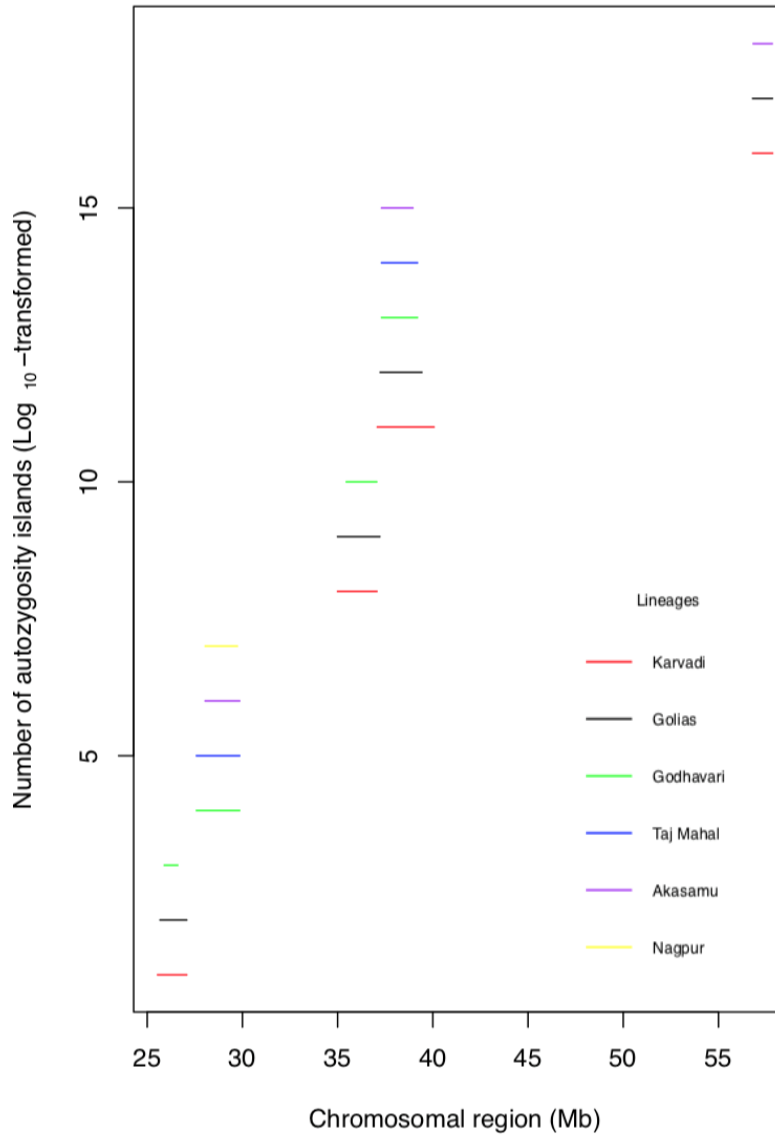


Autozygosity islands and ROH patterns in Nellore lineages: evidence of selection for functionally important traits

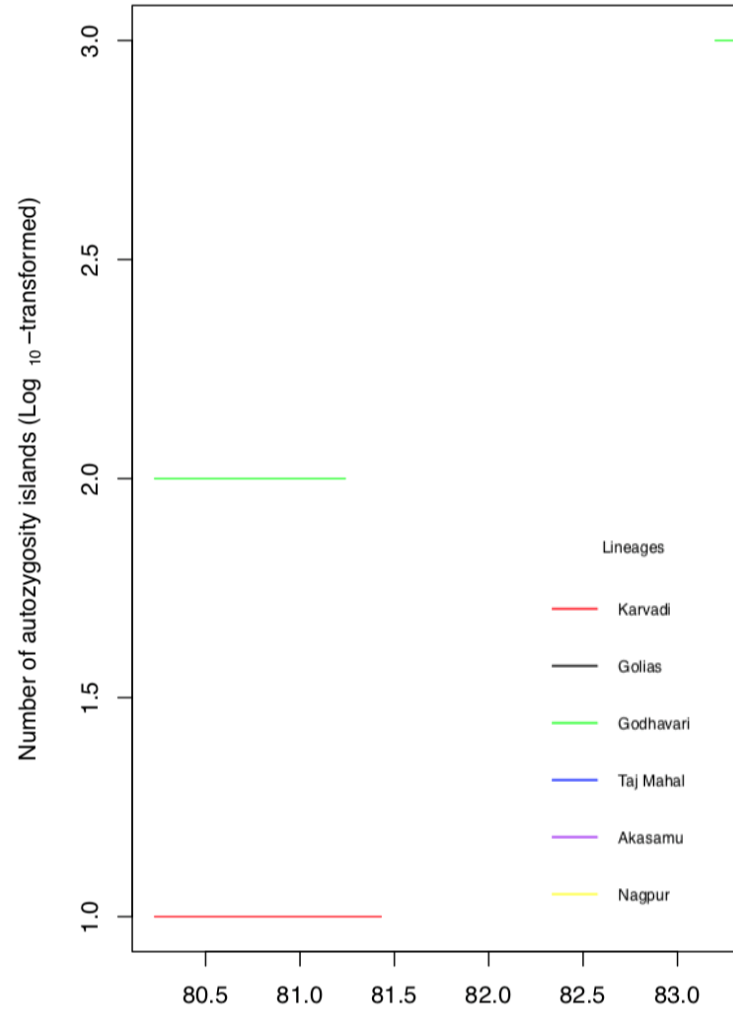
Elisa Peripolli^{1*} , Julia Metzger², Marcos Vinícius Antunes de Lemos¹, Nedenia Bonvino Stafuzza³, Sabrina Kluska¹, Bianca Ferreira Olivieri¹, Fabieli Louise Braga Feitosa¹, Mariana Piatto Berton¹, Fernando Brito Lopes¹, Danísio Prado Munari³, Raysildo Barbosa Lôbo⁴, Cláudio de Ulhoa Magnabosco⁵, Fernando Di Croce⁶, Jason Osterstock⁶, Sue Denise⁶, Angélica Simone Cravo Pereira⁷ and Fernando Baldi¹



BTA12



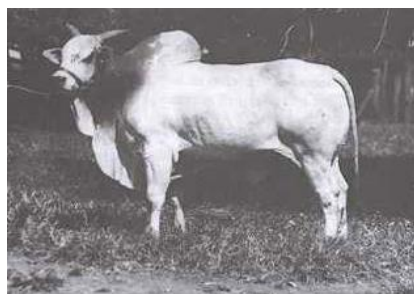
BTA15



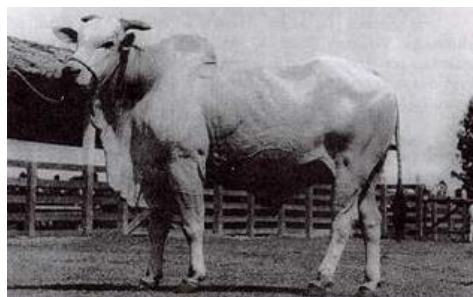
Ilhas de ROH específicas de cada linhagem

Table 5 Gene content of non-overlapping ROH islands within the Nellore lineages highlighted according to their function

Lineage	Gene	Function	Author
Godhavari	<i>LAMB4</i>	Immune System	[91]
Karvadi	<i>RFX4</i>	Immune System	[92]
Godhavari	<i>IFRD, PPM1B, DTX4, MTMR7</i>	Productive traits	[64, 92–95]
Taj Mahal	<i>CAPZA2</i>	Productive traits	[96]
Karvadi	<i>ZBTB20, RPS20, STAC3, STAT6, RIC8B, LYPLA1, XKR4, TMEM68, TGS1</i>	Productive traits	[66, 92, 97–102]
Godhavari	<i>NAMPT</i>	Reproductive traits	[103, 104]
Godhavari	<i>PPM1B, JMJD1C</i>	Reproductive traits	[105, 106]
Karvadi	<i>RFX4, NPBWR1, OPRK1, MRPL15</i>	Reproductive traits	[65, 107]
Karvadi	<i>DRD3, ZBTB20</i>	Reproductive traits	[108, 109]
Karvadi	<i>CSNK1A1, TBC1D12</i>	Thermotolerance	[110, 111]



Godhavari



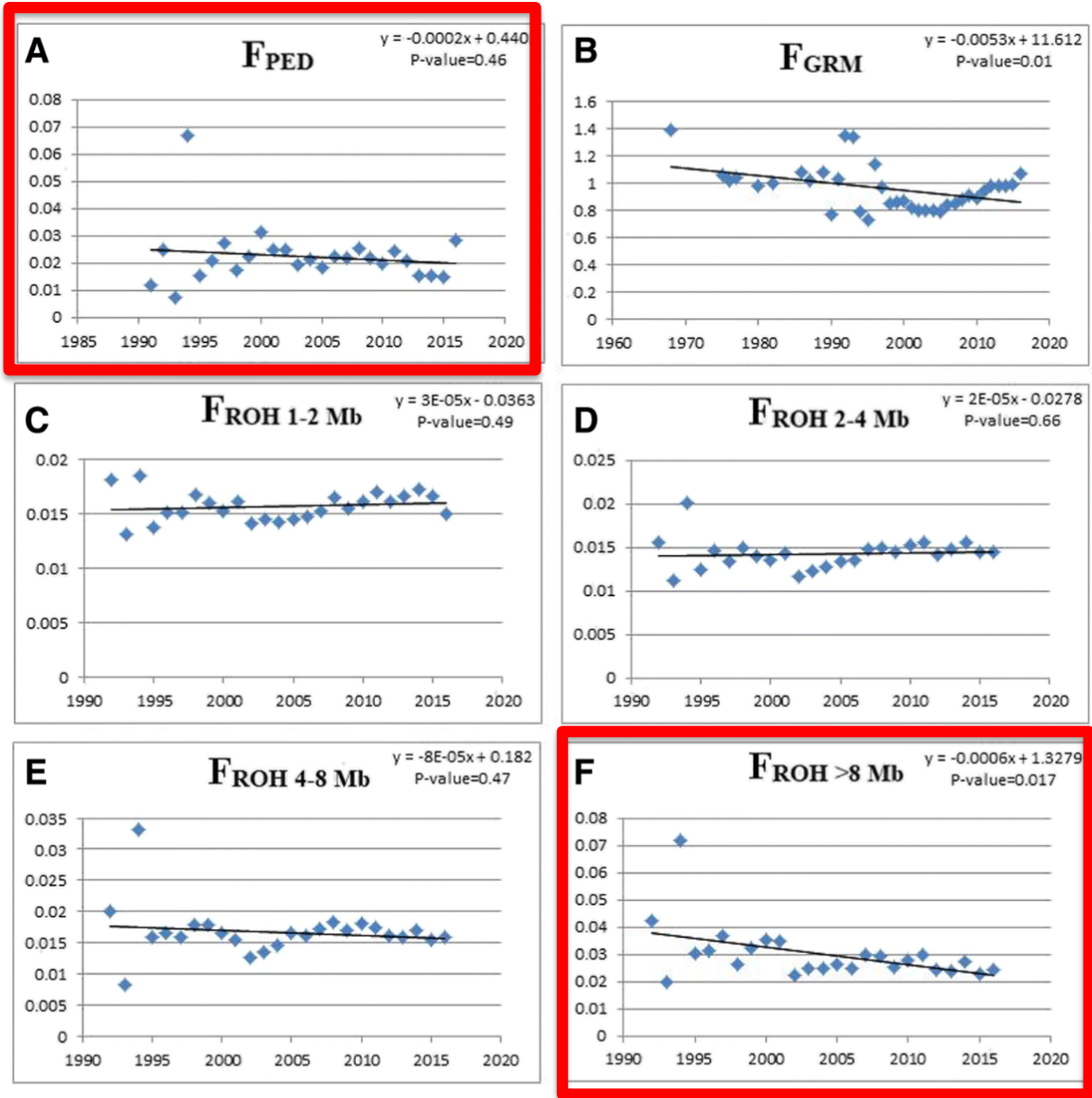
Karvadi



Taj mahal

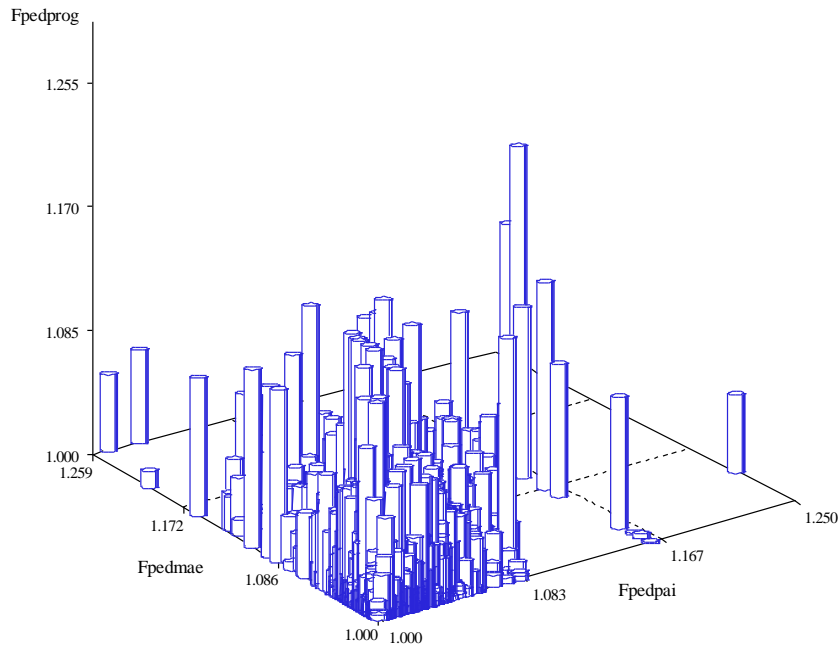


Golias

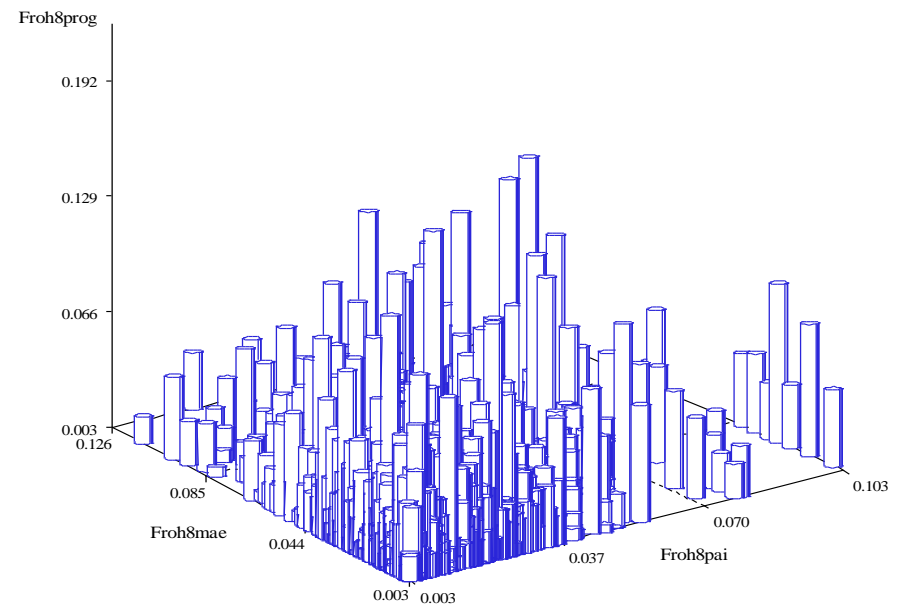


Inbreeding evolution over the past 30 years for pedigree-based inbreeding (F_{PED}), genomic relationship matrix approach (F_{GRM}), and F_{ROH} ($F_{ROH1-2\ Mb}$, $F_{ROH2-4\ Mb}$, $F_{ROH4-8\ Mb}$, and $F_{ROH > 8\ Mb}$) coefficients and their respective regression equations and p -values. The X-axis represents the years and the Y-axis shows the inbreeding coefficients. Each blue dot represents the inbreeding average per year

Development of genomic tools for mating decisions in Nelore cattle (Fapesp funding 2018/00938-2)



Relationship between progeny expected inbreeding (Fpedprog) with sire (Fpedpai) and dam (Fpedmãe) expected inbreeding coefficient.



Relationship between progeny inbreeding coefficient based on ROH higher than 8 Mb progeny (Froh8prog) and inbreeding coefficient based on ROH of sire (Froh8pai) and dam (Froh8mãe).



Copy number variation regions in Nellore cattle: Evidences of environment adaptation

Marcos Vinicius Antunes de Lemos^{a,*,1}, Mariana Piatto Berton^{a,1},
 Gregório Miguel Ferreira de Camargo^{b,1}, Elisa Peripolli^{a,1}, Rafael Medeiros de Oliveira Silva^{a,1},
 Bianca Ferreira Olivieri^{a,1}, Aline S.M. Cesar^{c,1}, Angélica Simone Cravo Pereira^{d,1},
 Lucia Galvão de Albuquerque^{a,1}, Henrique Nunes de Oliveira^{a,1}, Humberto Tonhati^{a,1},
 Fernando Baldi^{a,1}

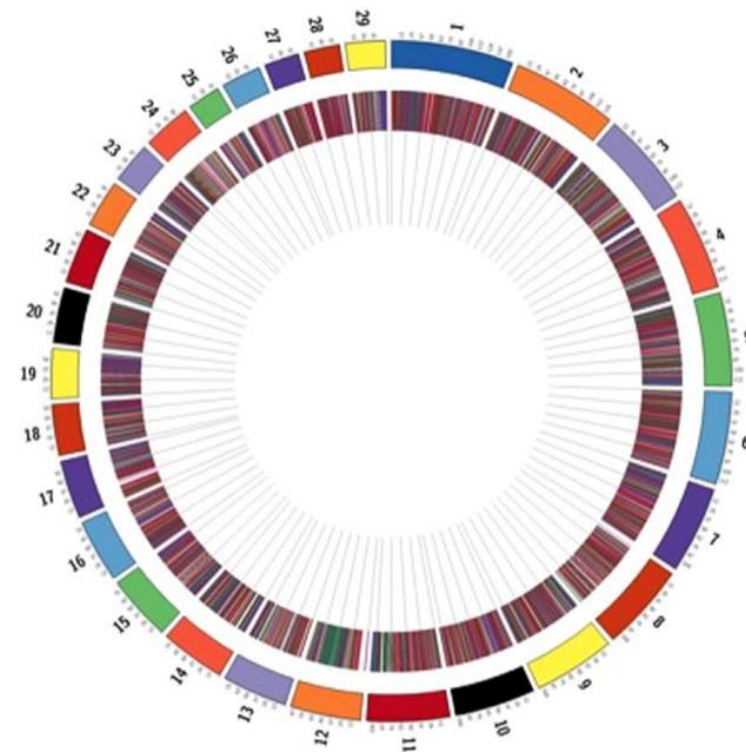


Fig. 4. Comprehensive circular map of autosomal copy-number variants in *Bos indicus*. From the outside to the inside of the external circle: Chromosome name; genomic location (in Megabases); bars depicting the CNV regions (loss in green, gain in red, and both events in purple). Figs. 4a, 4b and 4c are a zoom of the chromosome that showed the highest percentage of insertion regions (BTA28, BTA12 and BTA19, respectively). (For interpretation of the references to color in this figure legend, the reader is referred to the web version of this article.)

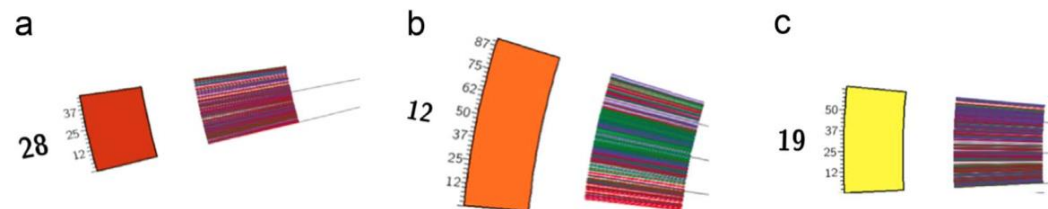


Table 2
Gene ontology enrichment.

Category	Term	Count	P-Value	Fold Enrichment	FDR
GOTERM_BP_DIRECT	negative regulation of cAMP-dependent protein kinase activity	4	2,4E-2	5,2	3,5E1
GOTERM_BP_DIRECT	histone deubiquitination	4	2,4E-2	5,2	3,5E1
GOTERM_BP_DIRECT	regulation of vasodilation	3	9,7E-2	5,2	8,3E1
GOTERM_BP_DIRECT	positive regulation of histone methylation	3	9,7E-2	5,2	8,3E1
GOTERM_BP_DIRECT	positive regulation of cardiac muscle cell proliferation	3	9,7E-2	5,2	8,3E1
GOTERM_BP_DIRECT	protein localization to endosome	3	9,7E-2	5,2	8,3E1
GOTERM_BP_DIRECT	regulation of proteasomal ubiquitin-dependent protein catabolic process	4	5,2E-2	4,2	6,1E1
GOTERM_BP_DIRECT	cellular response to extracellular stimulus	4	5,2E-2	4,2	6,1E1
GOTERM_BP_DIRECT	amino acid transmembrane transport	4	8,9E-2	3,5	8,1E1
GOTERM_BP_DIRECT	signal transduction by protein phosphorylation	8	5,5E-3	3,2	9,3E0
GOTERM_BP_DIRECT	cellular response to cAMP	5	7,5E-2	2,9	7,5E1
GOTERM_BP_DIRECT	somitogenesis	5	7,5E-2	2,9	7,5E1
GOTERM_BP_DIRECT	hair follicle morphogenesis	5	7,5E-2	2,9	7,5E1
GOTERM_BP_DIRECT	negative regulation of JAK-STAT cascade	6	4,3E-2	2,8	5,4E1
GOTERM_BP_DIRECT	retrograde vesicle-mediated transport, Golgi to ER	7	3,6E-2	2,6	4,8E1
GOTERM_BP_DIRECT	protein tetramerization	6	8,6E-2	2,4	7,9E1
GOTERM_BP_DIRECT	regulation of autophagy	6	8,6E-2	2,4	7,9E1
GOTERM_BP_DIRECT	negative regulation of cyclin-dependent protein kinase activity	10	1,5E-2	2,4	2,4E1
GOTERM_BP_DIRECT	protein autophosphorylation	9	3,4E-2	2,2	4,6E1
GOTERM_BP_DIRECT	MAPK cascade	9	3,4E-2	2,2	4,6E1
GOTERM_BP_DIRECT	fatty acid biosynthetic process	7	9,0E-2	2,1	8,1E1
GOTERM_BP_DIRECT	chloride transmembrane transport	11	2,3E-2	2,1	3,4E1
GOTERM_BP_DIRECT	cell cycle arrest	9	5,8E-2	2,0	6,5E1
GOTERM_BP_DIRECT	heart development	12	2,5E-2	2,0	3,5E1
GOTERM_BP_DIRECT	ubiquitin-dependent protein catabolic process	17	1,1E-2	1,9	1,8E1
GOTERM_BP_DIRECT	protein stabilization	12	5,8E-2	1,8	6,5E1
GOTERM_BP_DIRECT	cell proliferation	15	3,2E-2	1,8	4,3E1
GOTERM_BP_DIRECT	transcription from RNA polymerase II promoter	25	7,8E-3	1,7	1,3E1
GOTERM_BP_DIRECT	negative regulation of apoptotic process	25	2,7E-2	1,5	3,8E1
GOTERM_BP_DIRECT	intracellular protein transport	20	6,6E-2	1,5	7,0E1
GOTERM_BP_DIRECT	positive regulation of transcription from RNA polymerase II promoter	50	3,0E-3	1,5	5,1E0

Gene ontology (GO) categories significantly over represented, with false discovery rate (FDR).

- ✓ The 9805 CNVR estimated in the present study covered approximately 13.05% of the cattle genome (UMD_3.1, 2,649,685,063 bp) and overlapped with 5495 genes.
- ✓ These genes have functions described as involved in biological processes that might be related to the environmental adaptation of the subspecies to tropical areas, such as **regulation of vasodilatation, immune system response, hair follicle morphogenesis**, among others.

Whole genome sequencing of zebu and brazilian locally adapted taurine breeds for identifying selection signatures



Processo Fapesp: 17/27148-9

- ✓ Sequencing analysis from 13 Gir (*Bos indicus*), 12 Crioulo Lageano (*Bos taurus*), 12 Caracu Caldeano (*Bos taurus*), and 12 Pantaneiro (*Bos taurus*) cattle
 - ✓ Population differentiation analysis
 - ✓ Genomic inbreeding coefficient estimation
 - ✓ Selective sweeps detection
 - ✓ Gene annotation and enrichment analysis



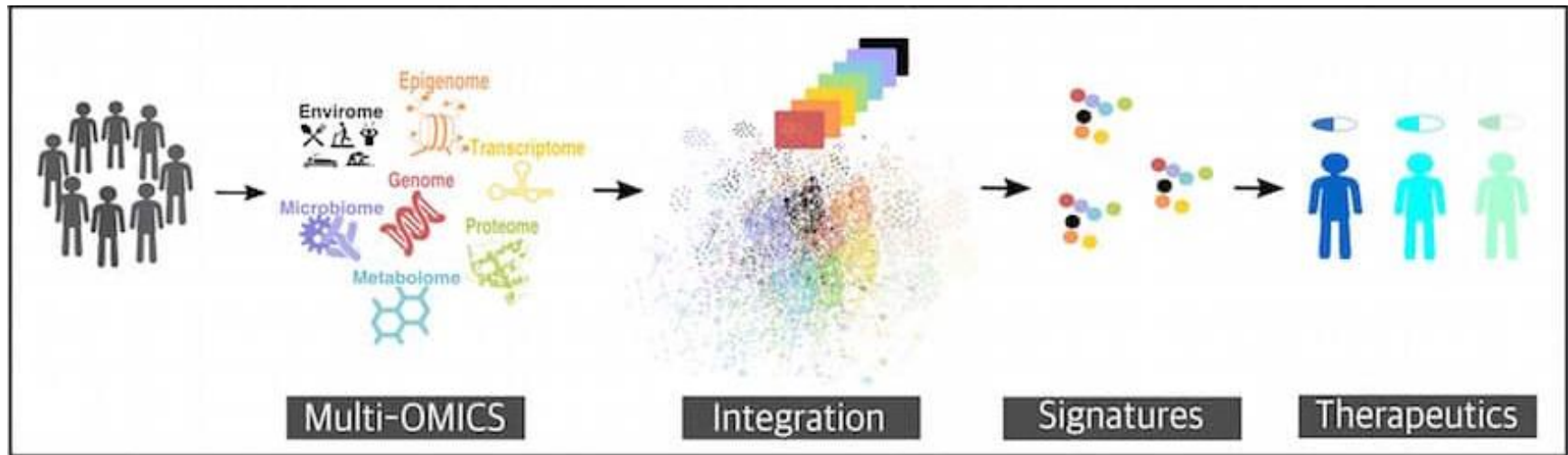
Reflexões sobre a avaliação genômica

- **Complexidade dos resultados da avaliação genômica**
 - DEPs, DEP genômica e MVP
 - Vários tipos de acurácia vs. Habilidade de predição
- **O custo da genotipagem pesa sobre o orçamento da fazenda**
 - As decisões são mais complexas e dispendiosas
 - Custo da genotipagem vs. custo da fenotipagem
- **Maior acurácia da DEP genômica não significa “animal mais positivo” ou “mais negativo”**
 - Maior acurácia: menor risco na decisão de seleção.

Reflexões sobre avaliação genômica

- **O uso de informações genômicas é atraente, mas não é a solução para todos os problemas**
 - Estamos todos preparados para usar a genômica?
 - A genômica não corrige erros de dados ou problemas de manejo.
- **O criador valoriza muito a informação genômica (genótipos) e não leva em consideração o banco de dados utilizado para estimar os efeitos dos marcadores**
 - Quanto vale um “bom” banco de dados para treinar os marcadores?
- **Na "era genômica", os fenótipos são mais importantes!**
 - Continuar coletando fenótipos e fenótipos “não tradicionais”.
 - Excessivo foco nos genótipos e esquecemos o resto!

Revolução multiômica e medicina de precisão



Nova visão da medicina (P4):

1. Previsível
2. Preventiva
3. Personalizada
4. Participativa

PERSPECTIVE

For reprint orders, please contact: reprints@futuremedicine.com

P4 medicine: how systems medicine will transform the healthcare sector and society

Ten years ago, the proposition that healthcare is evolving from reactive disease care to care that is predictive, preventive, personalized and participatory was regarded as highly speculative. Today, the core elements of that vision are widely accepted and have been articulated in a series of recent reports by the US Institute of Medicine. Systems approaches to biology and medicine are now beginning to provide patients, consumers and physicians with personalized information about each individual's unique health experience of both health and disease at the molecular, cellular and organ levels. This information will make disease care radically more cost effective by personalizing care to each person's unique biology and by treating the causes rather than the symptoms of disease. It will also provide the basis for concrete action by consumers to improve their health as they observe the impact of lifestyle decisions. Working together in digitally powered familial and affinity networks, consumers will be able to reduce the incidence of the complex chronic diseases that currently account for 75% of disease-care costs in the USA.

KEYWORDS: big data · knowledge network · learning healthcare · new taxonomy of disease · omics studies · P4 medicine · personal data clouds · systems biology · systems medicine · wellness industry

Mauricio Flores^{*1†},
Gustavo Glusman^{*1},
Kristin Brogaard[‡]

Medicina Personalizada e Aconselhamento Genético

Institucional | Planos de Saúde | Saúde Corporativa | Imprensa | Fale Conosco | Trabalhe Conosco | Doações | [International Patient Assistance](#)

 **HOSPITAL SÍRIO-LIBANÊS**

Selecione uma opção    

Central de Atendimento: São Paulo - (11) 3394-0200 / Brasília - (61) 3044-8888

O Hospital | Unidades | Ensino e Pesquisa | Responsabilidade Social | [Sua Saúde](#) | Qualidade e Segurança

[Sua Saúde](#) > Tratamento contra câncer é personalizado com informações genéticas do paciente

Sua Saúde

Tratamento contra câncer é personalizado com informações genéticas do paciente

Fonte: Prof. dr. Paulo Marcelo G. Hoff, diretor-geral do Centro de Oncologia do Hospital Sírio-Libanês

Publicado em 07/07/2016



A impossibilidade de existir no mundo duas pessoas exatamente iguais se deve ao fato de que cada um tem sua própria formação genética. No processo de desenvolvimento de um câncer, os tumores se desenvolvem a partir de alterações no material genético. Essas alterações acontecem pela ação de múltiplos estímulos e em diferentes combinações, de forma que um mesmo tipo de câncer pode ocorrer como resultado de certa variedade de alterações genéticas. A medicina vem evoluindo rapidamente para identificar essas alterações e reconhecer diferentes perfis de tumores, que até então eram tratados de forma indiferenciada.

Essa abordagem do câncer baseada no perfil genético do tumor recebe o nome de **medicina de precisão**, ou terapia personalizada. Para explicar essa abordagem terapêutica, o diretor-geral do Centro de

Especialidades

Conheça nossos centros

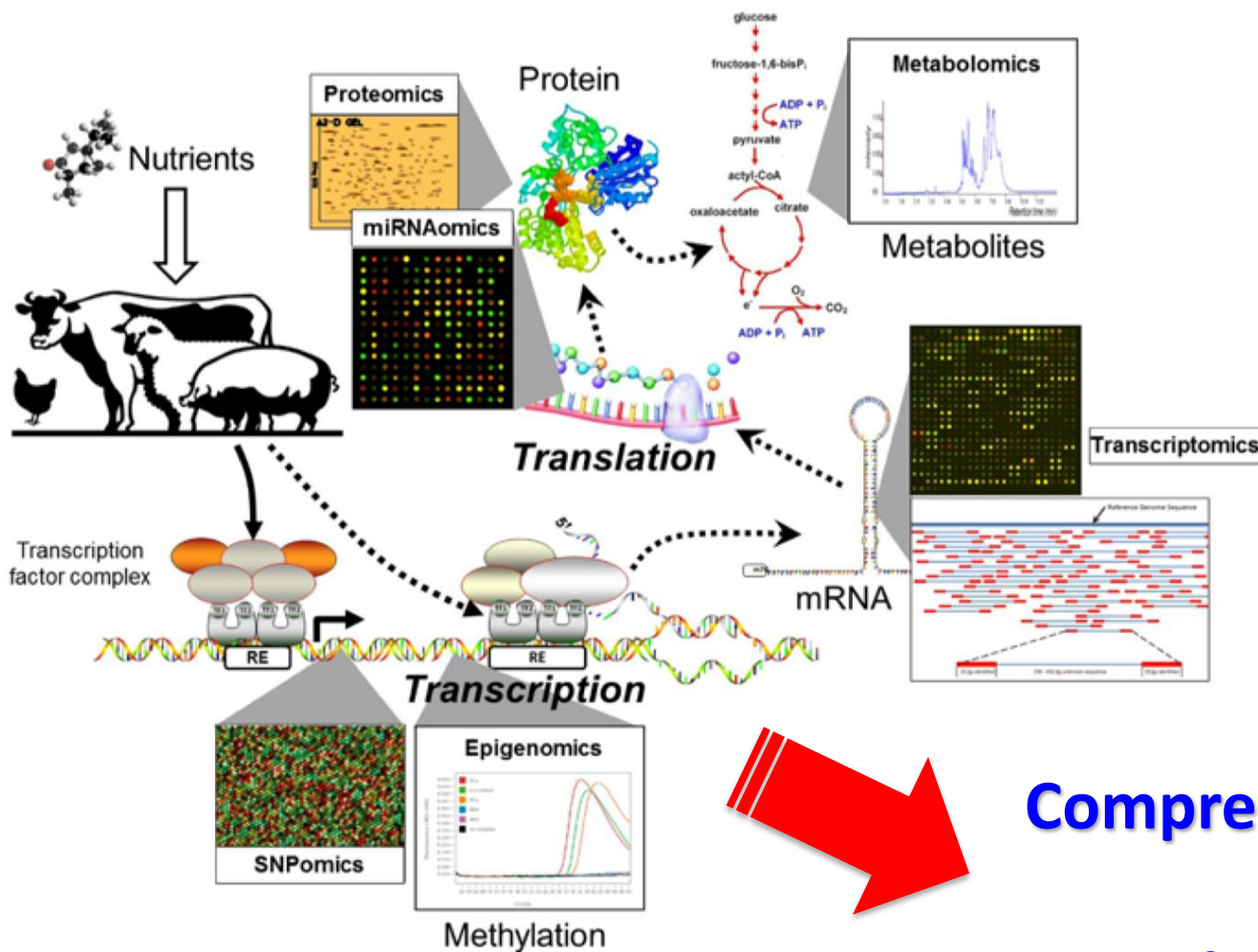
- Oncologia
- Reprodução Humana

Encontre um Médico

Mais sobre

- Câncer
- Zika Vírus
- Menopausa Precoce
- Doenças Imunológicas
- Criopreservação de Óvulos
- Congelamento de Óvulos
- Criopreservação de Oócitos
- Ovulação
- Punção Transvaginal
- Sedação
- Ultrassom
- Dor Abdominal
- Sangramento
- Fertilização In Vitro
- Gestação
- Mulher

Integração das ciências multiômicas na produção animal



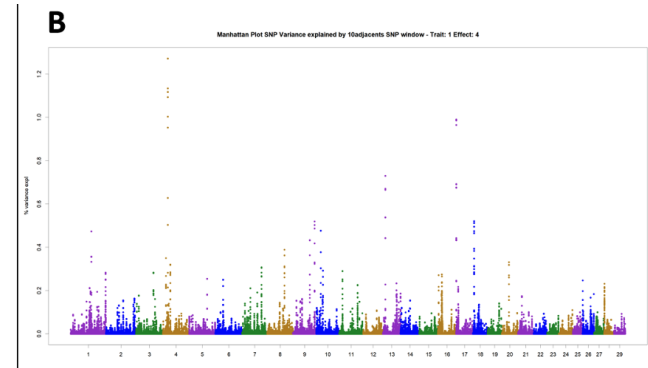
**Comprender e Predizer
Melhor:
Uso de Biomarcadores**

Weighted genomic prediction for growth and carcass-related traits in Nelore cattle



Table 6. Prediction accuracy for growth and carcass-related traits in Nelore cattle.

Trait	BLUP	ssGBLUP	ssw1	ssw2	ssw1bio	ssw2bio	ssw1biopoli	ssw2biopoli
W450	0.25	0.29	0.26	0.24	0.32	0.23	0.24	0.21
REA	0.20	0.28	0.28	0.28	0.26	0.24	0.27	0.28
MAR	0.09	0.63	0.60	0.54	0.54	0.42	0.60	0.53
BFT	0.08	0.80	0.77	0.71	0.66	0.49	0.77	0.71
RFT	0.12	0.69	0.67	0.60	0.59	0.50	0.67	0.61



Supplementary file 6. Manhattan plots of the 1st and 2nd iterations (A and B) of the WssGWAS with the additive genetic variance explained by windows of 10 SNPs for rump fat thickness obtained by ultrasonography (RFT).

Supplementary file 8. *Bos taurus* autosome (BTA) and genomic coordinates (ARS-UCD1.2/bosTau9) of the weighted QTLs reported in the literature for beef cattle.

REA		BFT		RFT		MAR		W450	
BTA	Position (bp)	BTA	Position (bp)	BTA	Position (bp)	BTA	Position (bp)	BTA	Position (bp)
1	575178	1	49686709-49686709	1	575149	1	575669	1	575112
1	616548	1	153635967-153666555	1	575156	1	575775	1	575204
1	616614	1	131307880	1	575159	1	157526473	1	616563
1	6310604-6449104	1	575196	1	616514	2	77030	1	575097
1	4713375-5118156	1	157526473	1	616586	2	96082524-96725242	1	575199
1	96747618-96747618	1	27489183-27646252	1	157526458	5	113447	1	616547
2	76989	1	616580	2	33385123-33609413	5	31349253-32177734	1	616544
2	60690586	2	76994	2	34109808-34328519	5	68620356-69478777	1	616548
3	118043385-118059757	2	77004	2	50173468-50497926	5	76214455-77325534	1	616609
4	24583647	2	77007	2	105558282-105901115	6	60548	1	616606
5	68225886-68578791	2	77017	2	29948707-30390796	6	25609250-25621255	1	616610
5	73727053-74137382	2	77022	3	97086987-97106709	6	70773922-70782550	1	616608

Table 7. Genomic prediction inflation for growth and carcass-related traits in Nelore cattle.

Trait	BLUP	ssGBLUP	ssw1	ssw2	ssw1bio	ssw2bio	ssw1biopoli	ssw2biopoli
W450	0.39	0.40	0.27	0.27	0.54	0.74	0.28	0.23
REA	0.31	0.38	0.32	0.29	0.39	0.41	0.31	0.29
MAR	0.16	1.02	0.79	0.61	0.93	0.77	0.79	0.61
BFT	0.16	1.34	1.05	0.84	1.23	0.90	1.06	0.88
RFT	0.25	1.19	0.97	0.78	1.18	1.15	0.97	0.81

Perspectivas futuras para uso da genômica em raças zebuínas de corte

- **Seleção genômica em raças compostas e raças de avaliação multirracial**
- **Acasalamento baseado em informações genômicas**
- **Sequenciamento do genoma: Novas variações genéticas para melhorar a capacidade de predição**
- **Melhoramento genético baseado em informações multiômicas e customizado**

Agradecimentos

