



Genética molecular aplicada ao melhoramento genético animal

André Luiz Julien Ferraz (UEMS)
splinter@uems.br



Genótipo



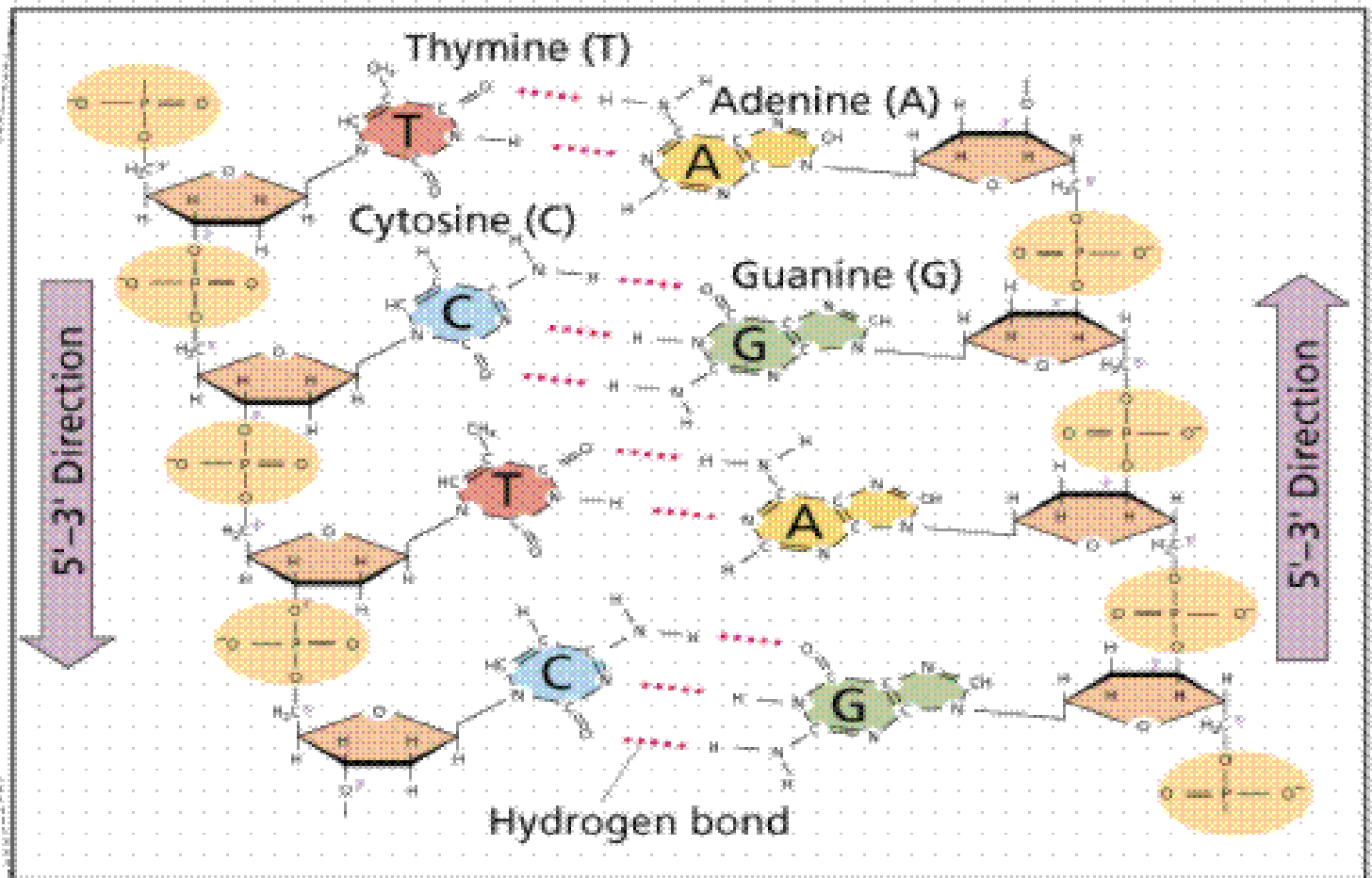
Ambiente



Fenótipo



DNA – **Á**cido **D**esoxi-ribo**N**ucléico



Meiose

Originário do pai do touro

Originário da mãe do touro

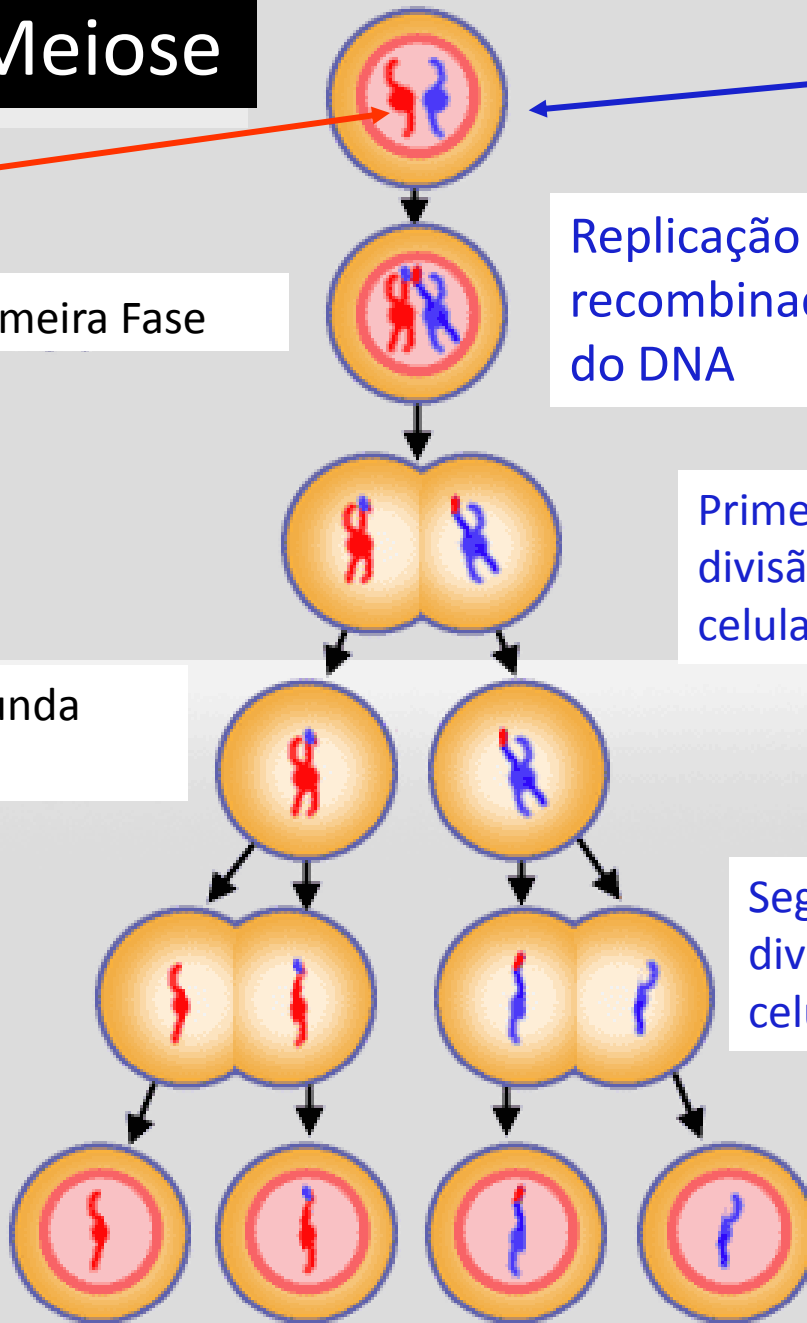
Primeira Fase

Replicação e recombinação do DNA


Primeira divisão celular

Segunda Fase

Segunda divisão celular

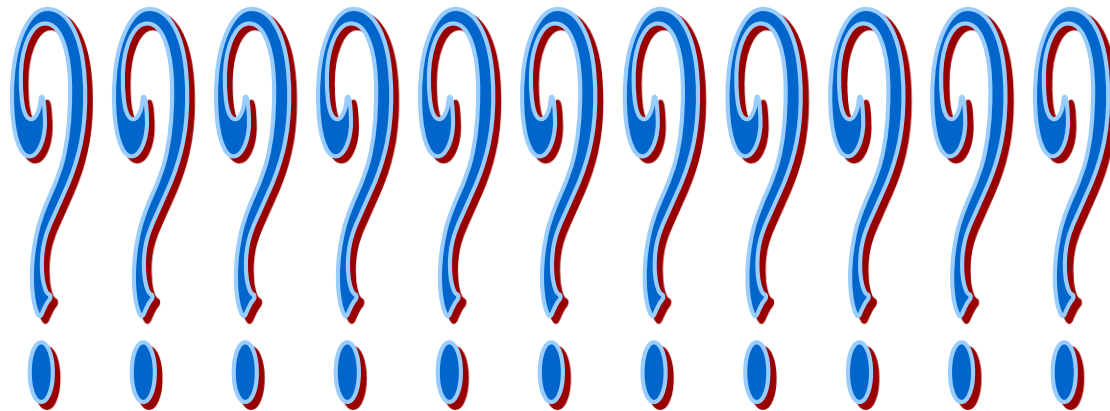


MARCADORES MOLECULARES

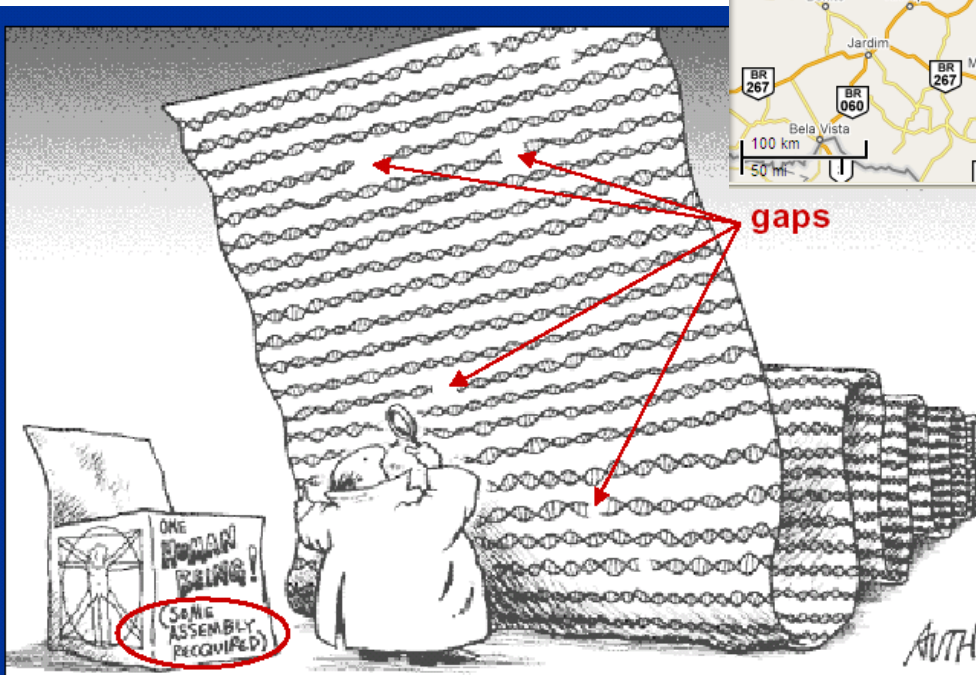


● É todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso (proteínas) ou de um segmento específico de DNA (expresso ou não) Ferreira & Grattapaglia (1998).

● Variações genéticas do genoma, levando assim a existência de polimorfismos (formas genéticas diferentes)



O que são?



ONDE ESTA WALLY?



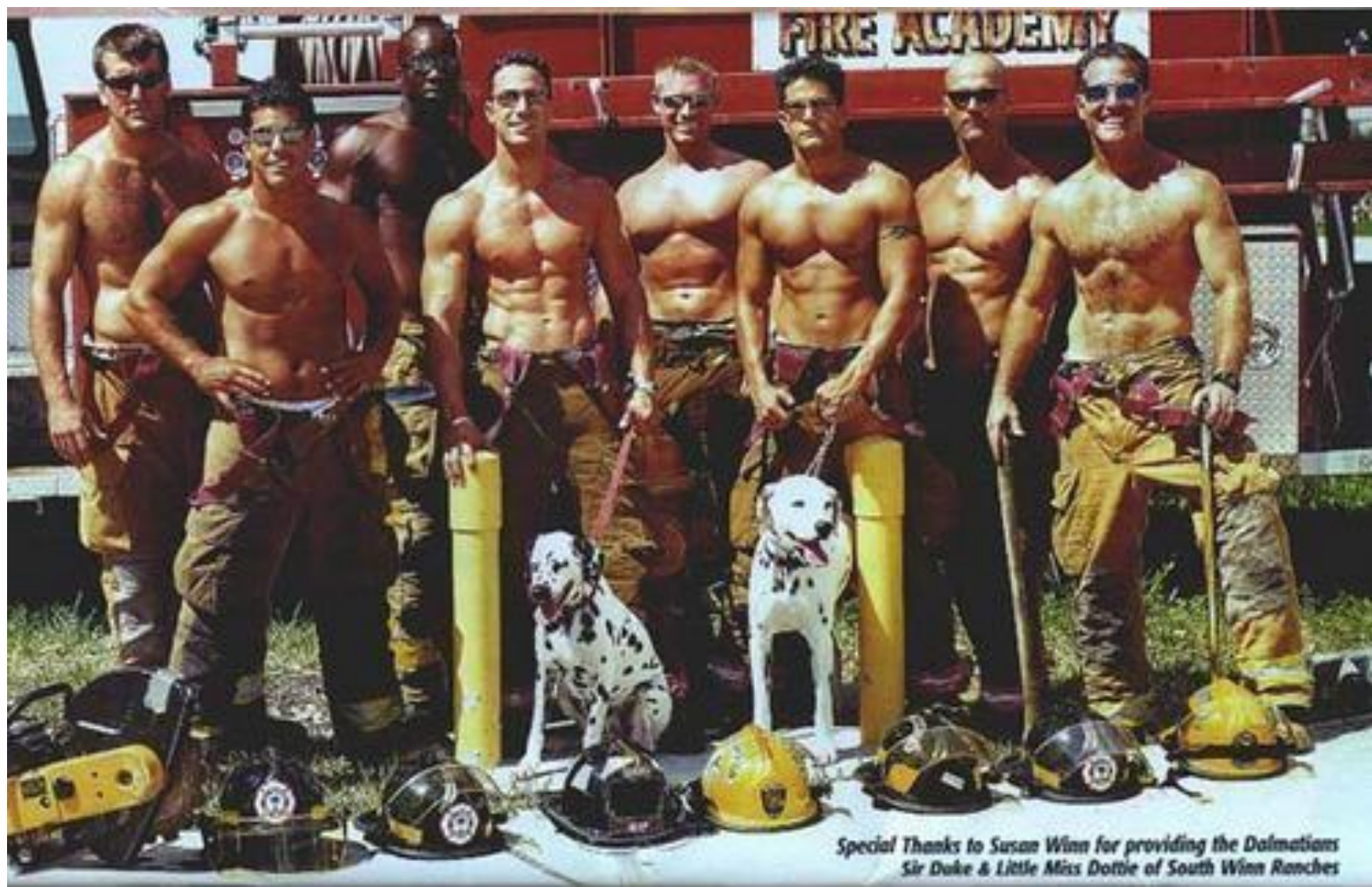
¿DONDE ESTÁ WALLY?











*Special Thanks to Susan Winn for providing the Dalmatians
Sir Duke & Little Miss Dottie of South Winn Ranches*





????????????????????
 ??????????

Divergência genética: aproximadamente 250 mil anos (Bradley et al., 1996 e Miretti et al. 2002).

Tautz (2000) divergência no genoma é de 0,1 – 0,5% por milhão de anos



- *Bos taurus taurus*

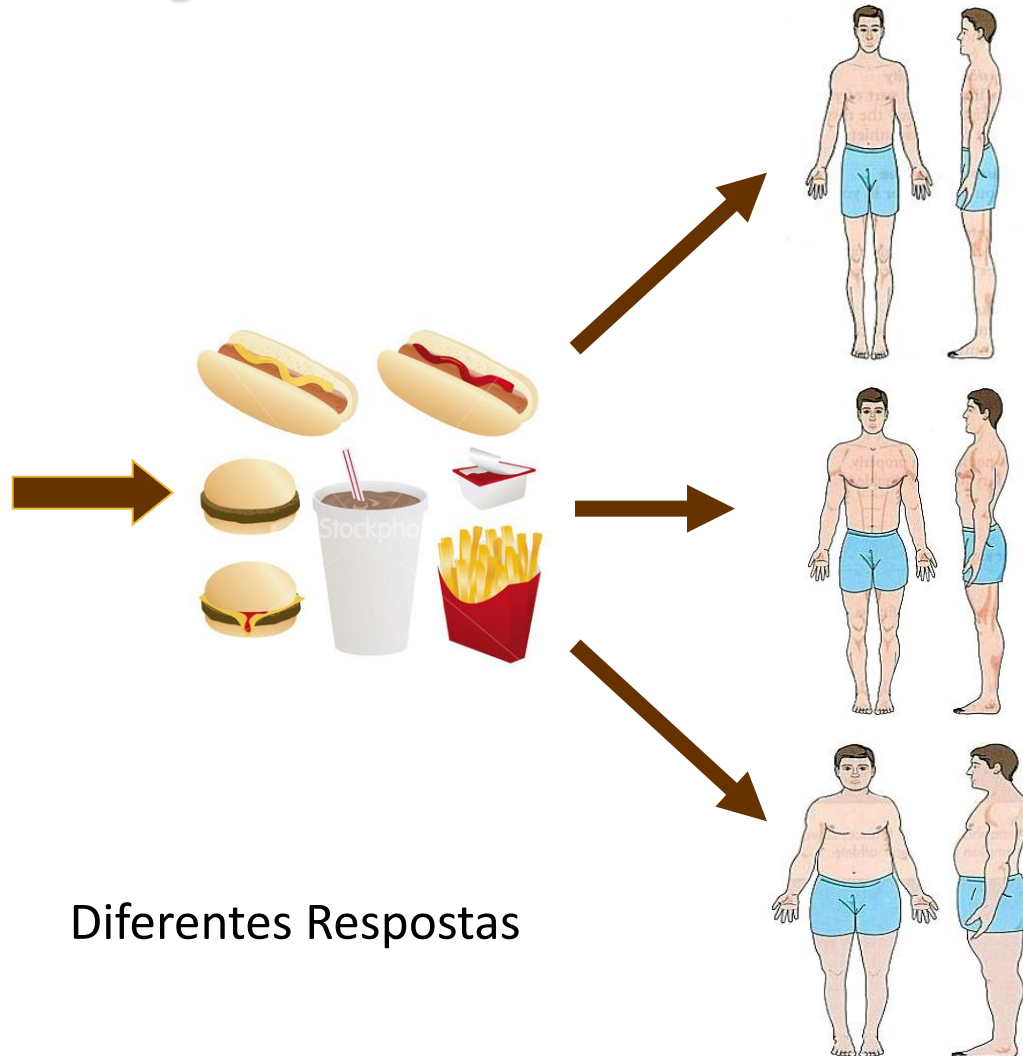
Taxa de crescimento (maior)
Qualidade de carne (melhor)
Maturidade sexual (precoce)
Resistência e tolerância a doenças (baixa)
Adaptabilidade (Condições tropicais) (baixa)



- *Bos taurus indicus*

Taxa de crescimento (menor)
Qualidade de carne (inferior)
Maturidade sexual (tardia)
Resistência e tolerância a doenças (alta)
Adaptabilidade (Condições tropicais)(alta)

Alimentação e Fenótipo



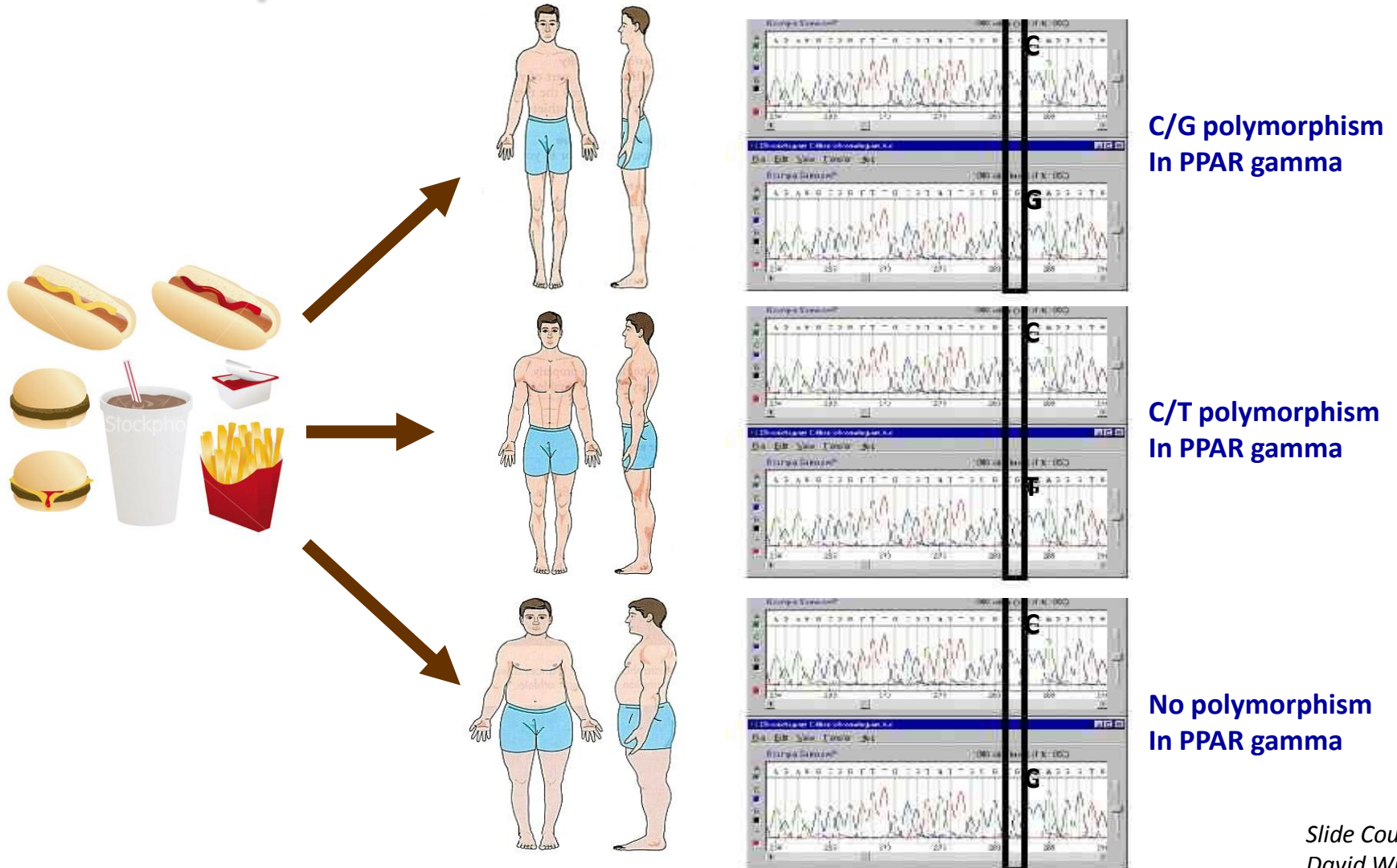
Mesma dieta



Diferentes Respostas

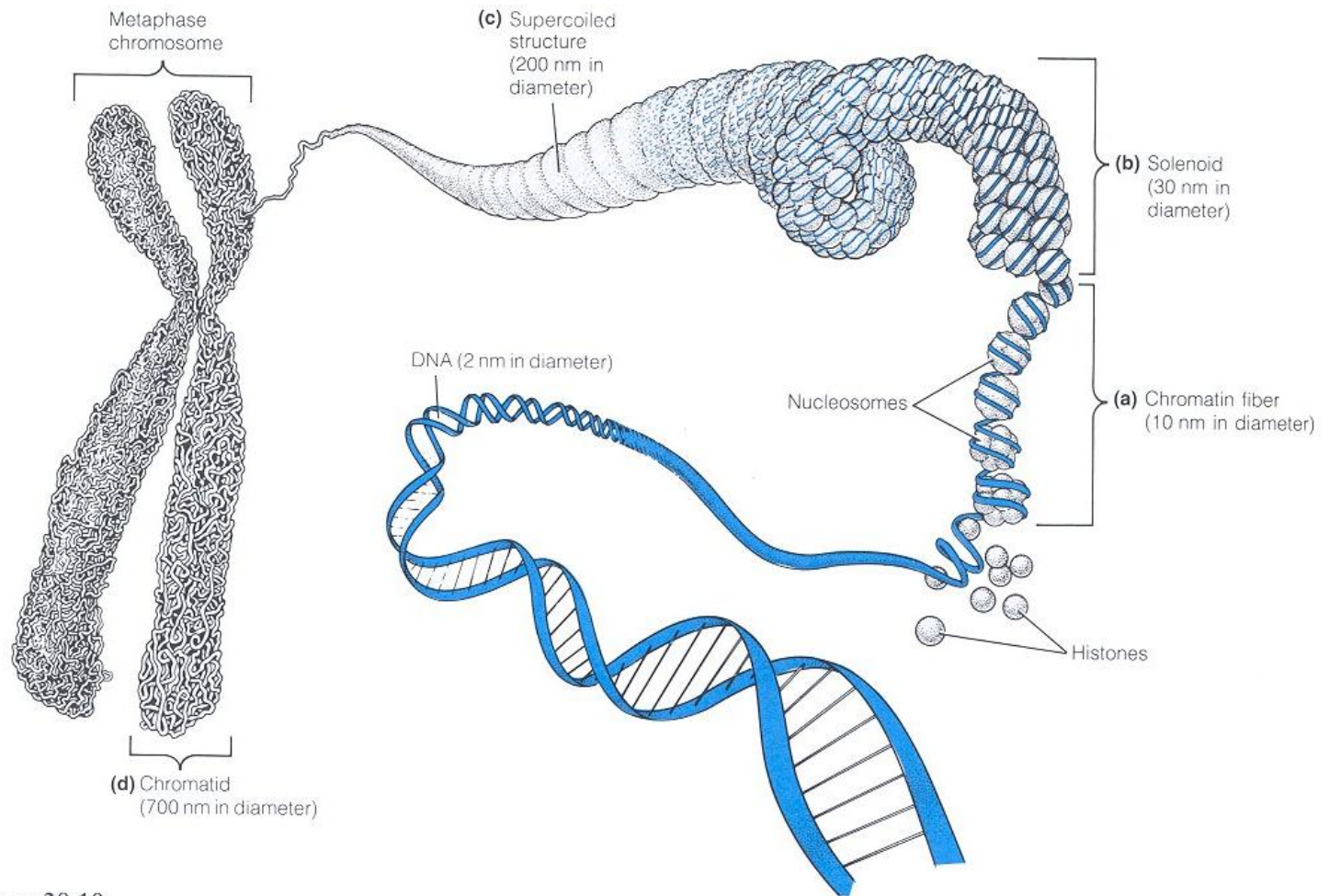
Slide Courtesy
David Wishart
U of A

A resposta pode estar no Genoma



Slide Courtesy
David Wishart
U of A

São marcas genéticas



Qual é o genótipo desse touro?



Alelos

- 1 com CA₈
- 2 com CA₁₀
- 3 com CA₁₁
- 4 com CA₁₃

Homozigoto

1/1

...GAAAAGCTATGCAACCTT**CACACACACACACA**TTGGTAATCAGTATTGGATTA...
...CTTTTCGATACGTTGGAAGTGTGTGTGTGTGTGT**A**AACCATTAGTCATAACCTAAT...

...GAAAAGCTATGCAACCTT**CACACACACACACACA**TTGGTAATCAGTATTGGATTA...
...CTTTTCGATACGTTGGAAGTGTGTGTGTGTGTGT**A**AACCATTAGTCATAACCTAAT...

Qual é o genótipo desse touro?



Heterozigoto

1/3

Aelos

1 com CA_8

2 com CA₁₀

3 com CA_{11}

4 com CA₁₃

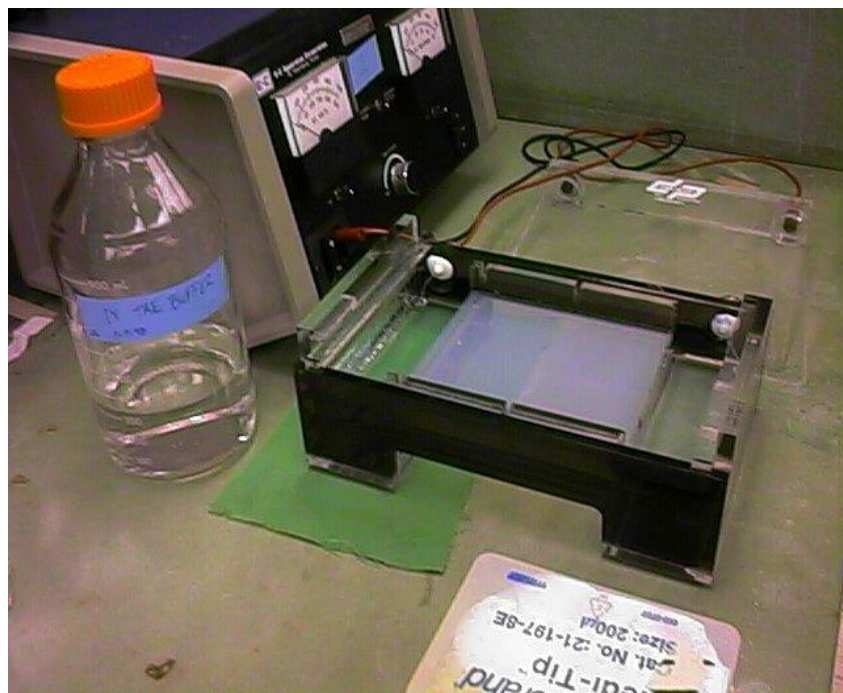
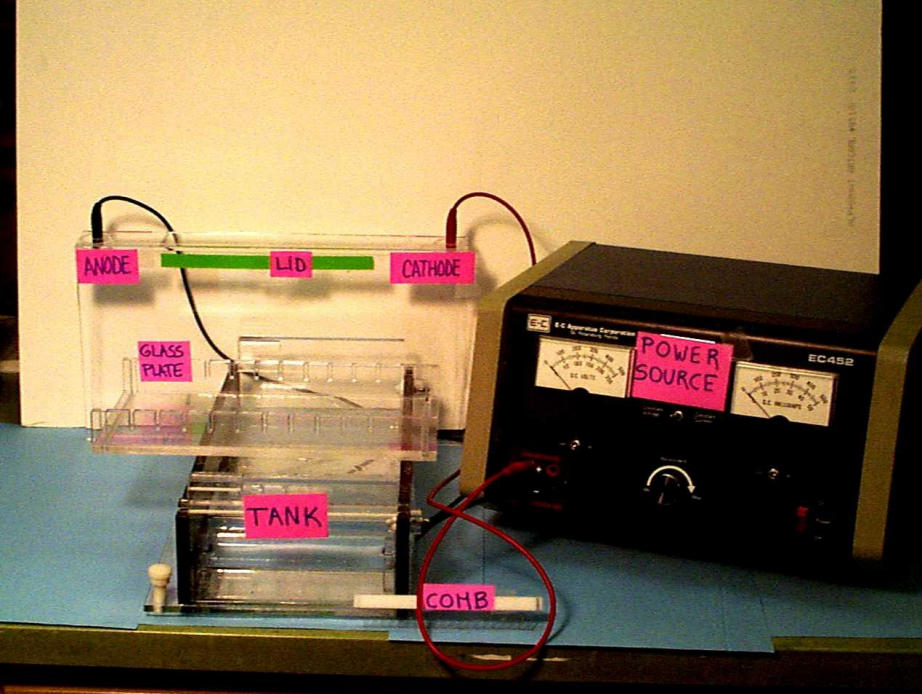
...GAAAAGCTATGCAACCTT**CACACACACACACA**TTGGTAATCAGTATTGGATTA...
...CTTTTCGATACGTTGGAA**GTGTGTGTGTGTGT**TAACCATTAGTCATAACCTAAT...

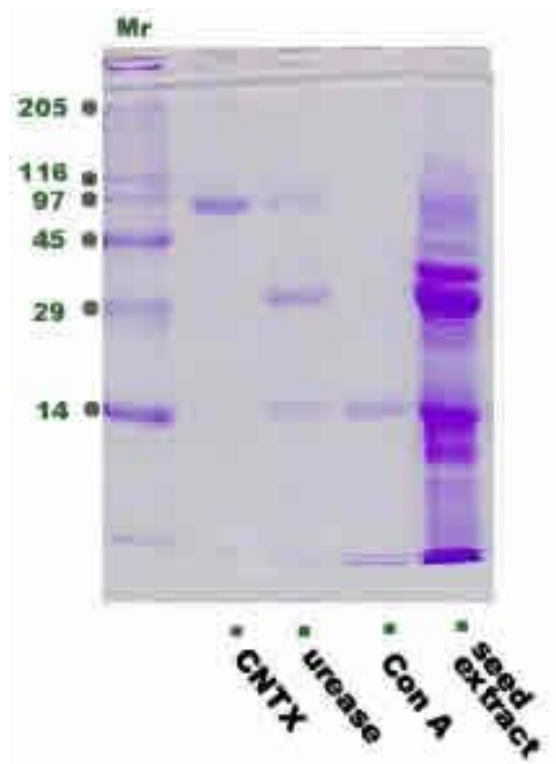
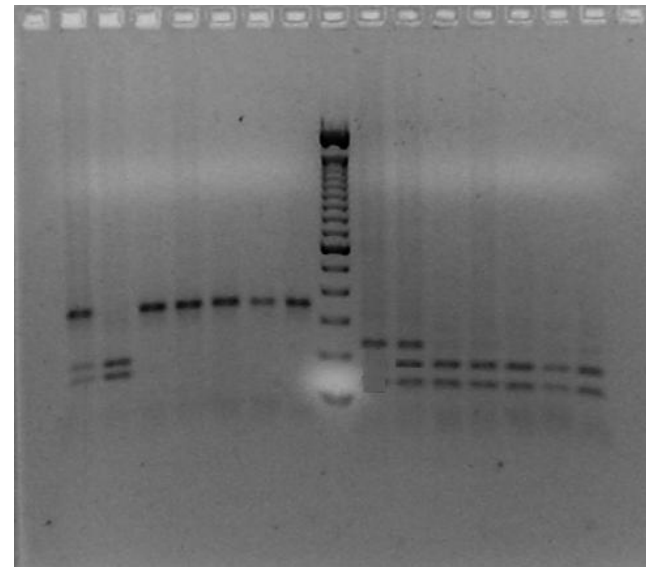
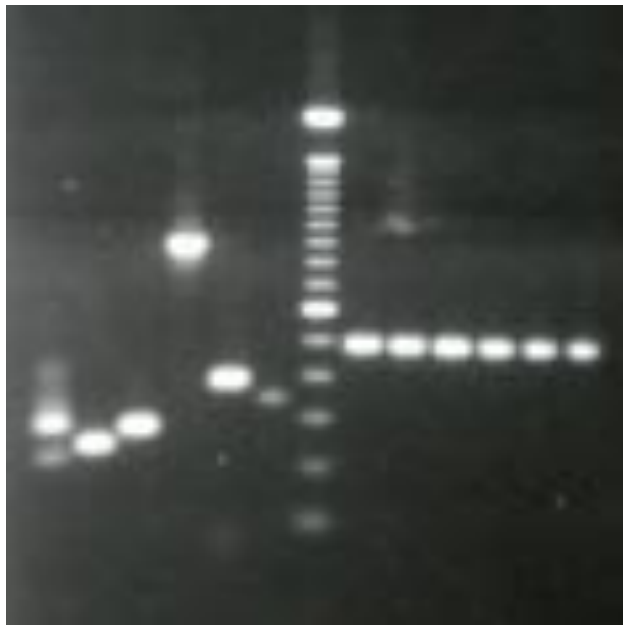
..GAAAAGCTATGCAACCTT**CACACACACACACACACACA**TTGGTAATCAGTATTGGATTA..
..CTTTTCGATACGTTGGAA**GTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT**AACCATTAGTCATAACCTAAT..



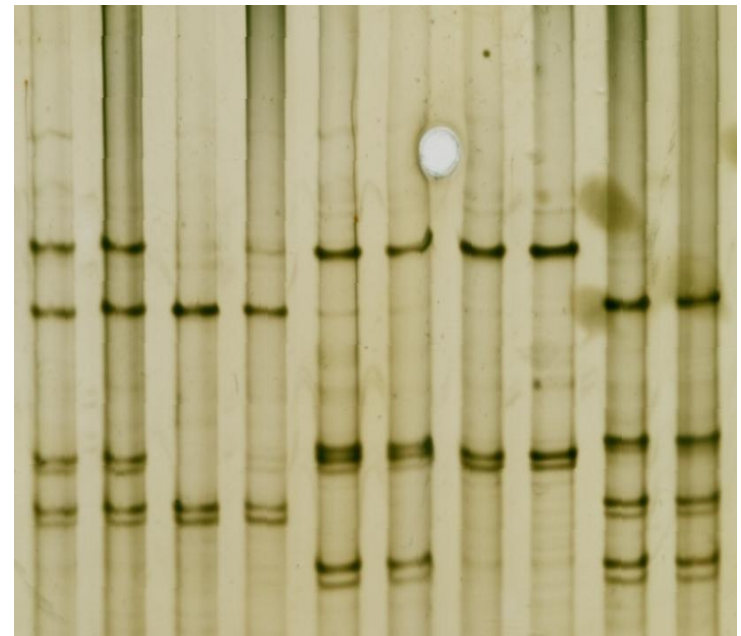
Quais os tipos de marcadores moleculares mais usados?

- Marcadores morfológicos
- Isoenzimas
- RFLP (Polimorfismo no comprimento de fragmentos de restrição)
- VNTR (Número variável de repetições seriada)
- RAPD (Polimorfismo de DNA amplificado ao acaso)
- Microsatélites
- SSCP (Polimorfismo de conformação da cadeia simples de DNA)
- Sequenciamento





GH1-A GH1-B GH1-C GH1-D GH1-E



Quais são as características de marcadores?

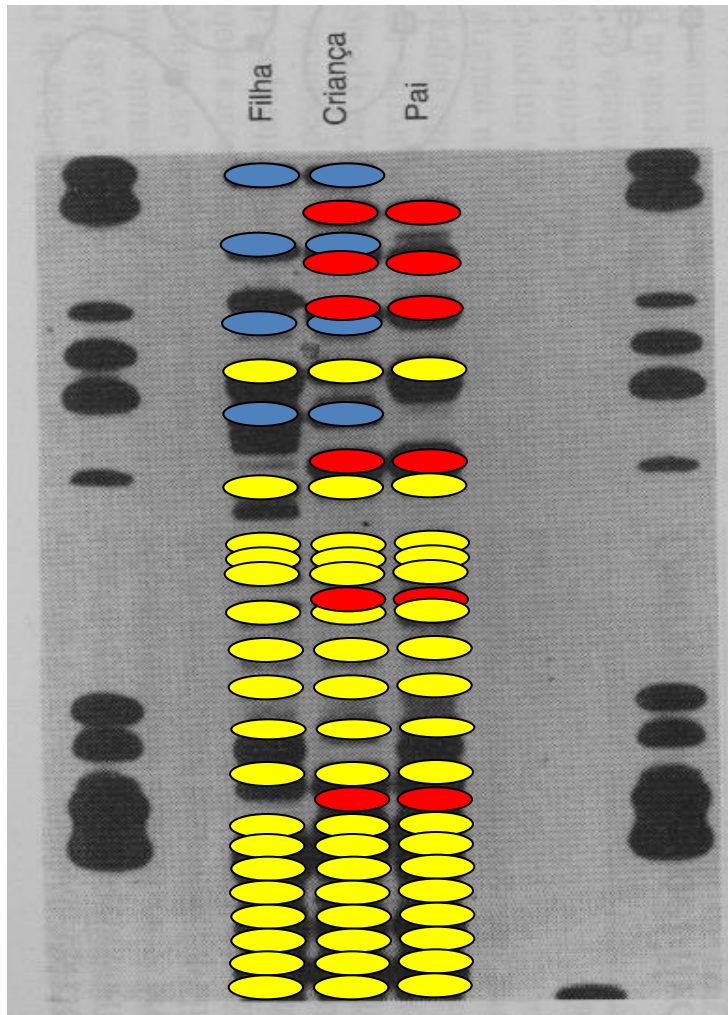
- ✧ Possuir um fenótipo
- ✧ Ter herança simples
- ✧ Ser polimórfico

Para que serve os marcadores?

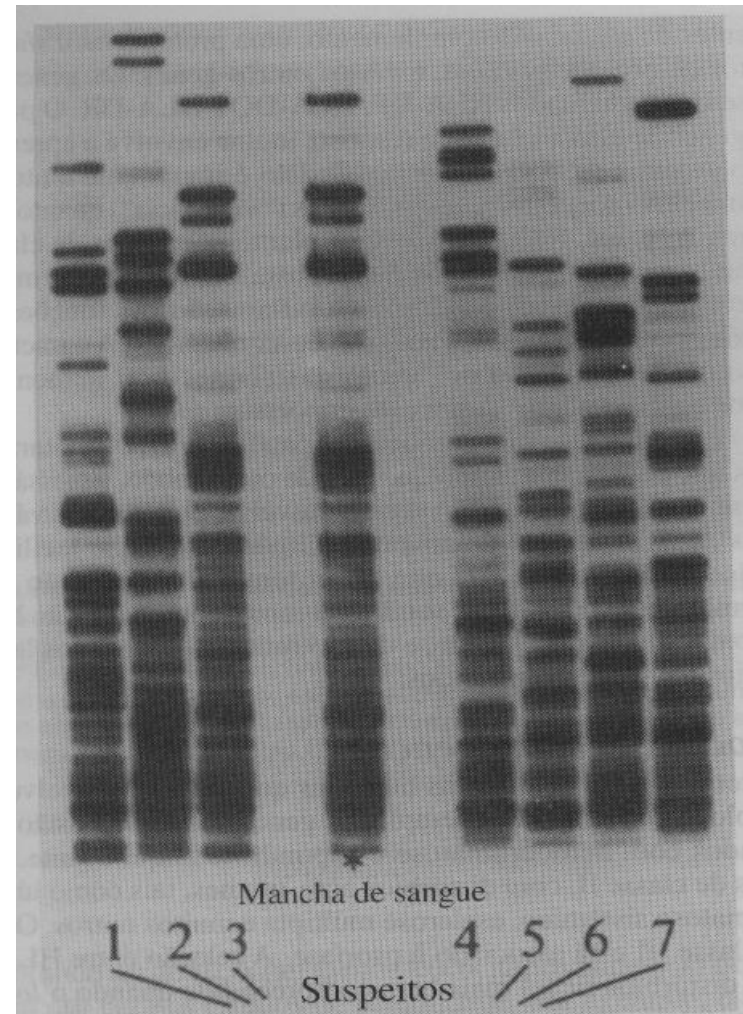
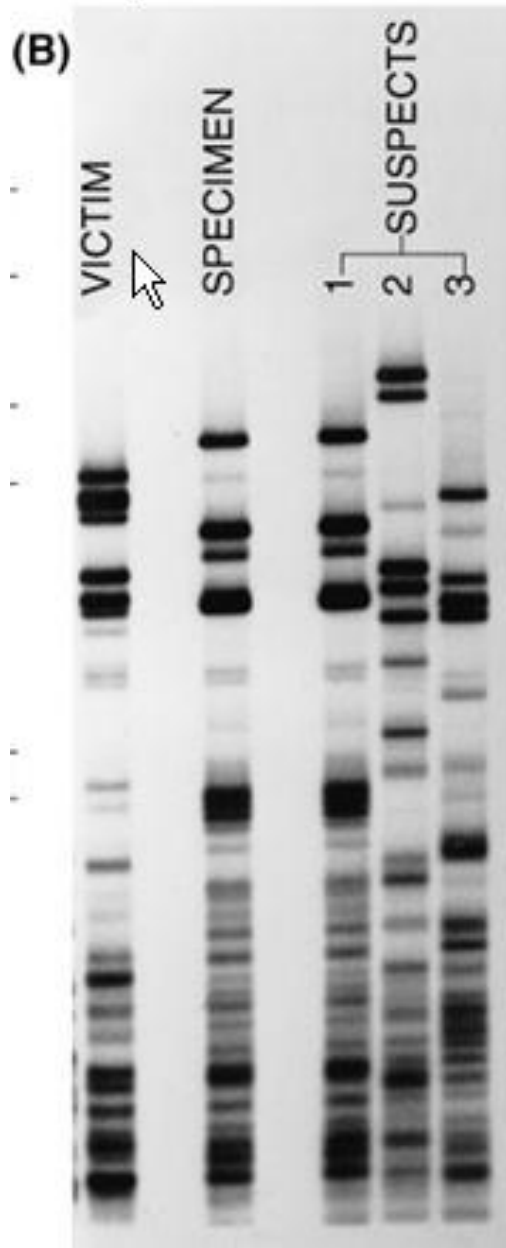
- ✧ Estudo de variabilidade genética entre indivíduos, raças ou espécies
- ✧ Averiguação de parentesco (Pedigree)
- ✧ Detecção de deficiência recessiva simples
- ✧ Detecção de genes de resistência a doenças e outros
- ✧ Auxílio nos métodos de seleção.
- ✧ Detecção de fraudes e rastreabilidade de produtos .



CASO DE INCESTO



CASOS FORENSES



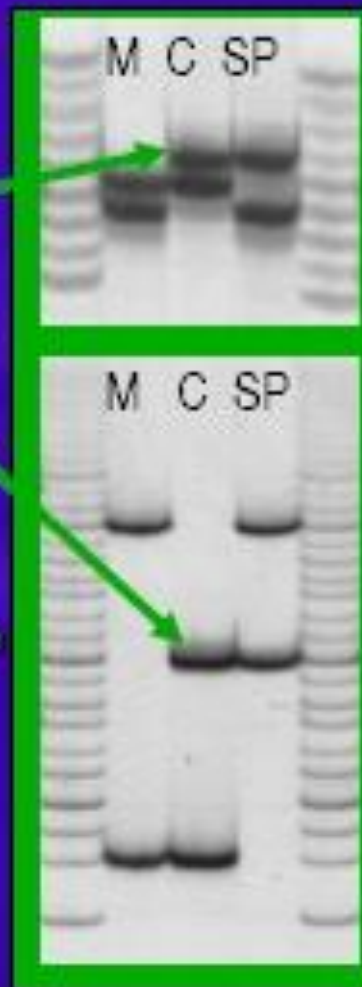
Princípios básicos do teste de paternidade pelo DNA

INCLUSÃO

O Suposto Pai (touro) possui o alelo paterno obrigatório

O suposto Pai é incluído no grupo de indivíduos que poderiam ser o pai biológico do bezerro

Cálculo de probabilidades

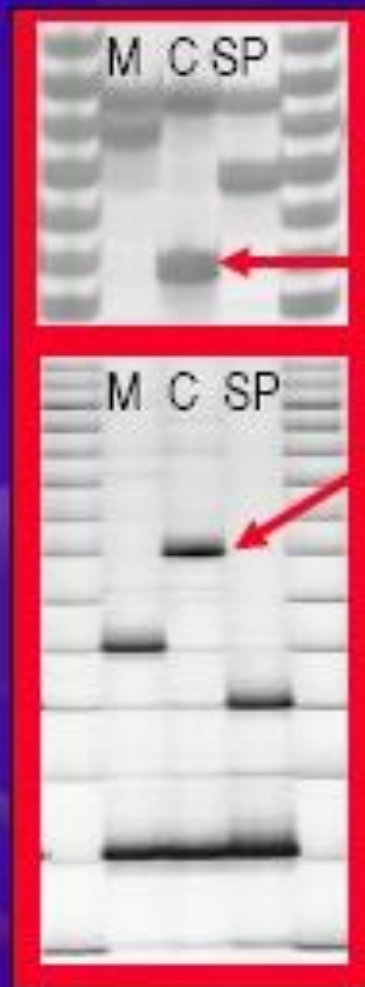


EXCLUSÃO

O Suposto Pai (touro) não possui o alelo paterno obrigatório

O suposto Pai é excluído do grupo de indivíduos que poderiam ser o pai biológico do bezerro


Conclusão categórica



MARCADORES MOLECULARES EM GENOTIPAGEM

Gene name (symbol)	Species	DNA variant*	Targeted trait	Reference
Acetyl coenzyme A carboxylase α (<i>ACACA</i>)	Pig	c.5634T > C in exon 46 c.6681G > T in exon 54	Fatty acid desaturation	Muñoz et al., 2007
Calpastatin (<i>CAST</i>)	Pig Cattle	Several SNPs identified Several SNPs identified	Tenderness Tenderness	Ciobanu et al., 2004 Barendse et al., 2007
Endothelial differentiation sphingolipid G-protein-coupled receptor 1 (<i>EDG1</i>)	Cattle	c.-312A > G c.446G > A	Marbling	Yamada et al., 2008
Fatty acid synthase (<i>FASN</i>)	Cattle	g.17924A > G (Thr > Ala)	Fatty acid composition	Morris et al., 2007
Protein kinase, AMP-activated, gamma 3 non-catalytic subunit (<i>PRKAG3</i>)	Pig	G599A (R200Q)	Low meat pH and water holding capacity	Milan et al., 2000
Myostatin (<i>MSTN</i>) or growth differentiation factor 8 (<i>GDF8</i>)	Sheep Cattle	g.6723G > A in 3'UTR 821del11 (frameshift) G938A (Cys313Try)	Muscularity Muscling/fatness Double-muscling Double-muscling	Clop et al., 2006 Kijas et al., 2007 McPherron and Lee, 1997
Stearoyl-CoA desaturase (<i>SCD</i>)	Cattle	c.T878C (Val293Ala)	Fatty acid composition	Taniguchi et al., 2004
Thyroglobulin (<i>TG</i>)	Cattle	C1696T	Marbling	Barendse, 1999





BLAD em bovinos

(Deficiência de adesão leucocitária bovina)

2cópias normais: normal

1cópia alterada: portador

2cópias alteradas: doente (não sobrevive)

Ivanhoé: ↑ produção (inclusive Brasil)

mutação de ponto → A por G → proteína alterada

5' ACCTGGAGATAGC 3'

3' TGGACCTCTATCG 5'

5' ACCTGGGGATAGC 3'

3' TGGACCCCTATCG 5'

EUA (teste obrigatório p/ reprodutores)

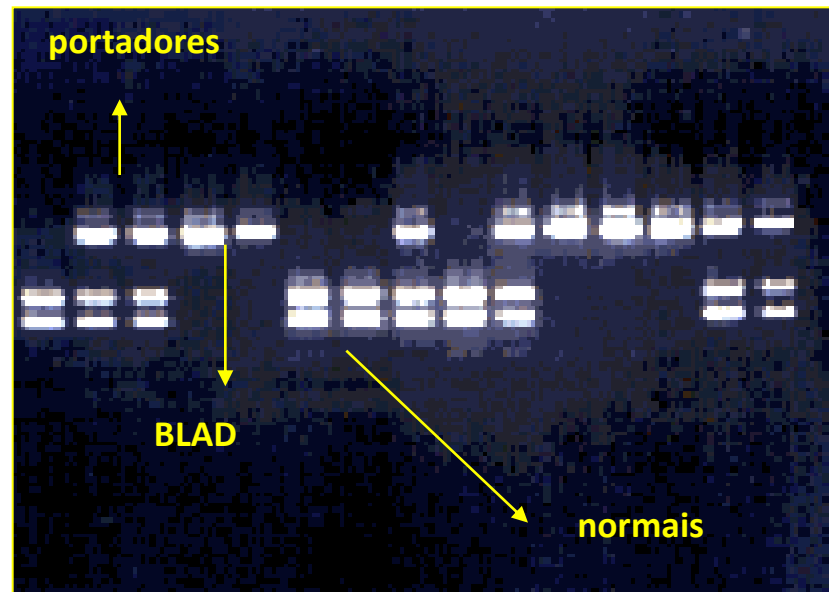
→ prejuízo US\$ 5.000.000,00 / ano



→ PCR - RFLP

fragmento de 58pb
enzima de restrição

- normal : 2 fragmentos (32 e 26 bp)
- portadores : 3 fragmentos (58, 32 e 26 bp)
- doentes de BLAD : 1 fragmento (58 bp)





Dupla Musculatura em bovinos

- Hipertrofia e hiperplasia muscular (maior produção de carne)
- Belgian Blue (deleção de 11pb no GDF8 – exon3)
- Piemontês (mutação de ponto G/A (Cis/Tir) no GDF8 – exon3)
- Não produção ou perda de função da proteína miostatina
- Seqüenciamento direto do gene





GDF8 +



GDF8 -



Efeito do gene em ratos

Gene *Fec* em ovinos

alta taxa de ovulação → 1 único gene(*Fec*)

→ dois alelos codominantes conhecidos

Fec → alelo normal

Fec B → alelo da raça Booroola Merino

Fec / *Fec* → TMO = 1,5

Fec / *Fec* B → TMO = 2,9

Fec B / *Fec* B → TMO = 4,7

TO => endoscopia

recente => marcador molecular



A) Forced RFLP analysis of Booroola and non-Booroola sheep samples.



TABLE 2. Litter records and genotype of Javanese ewes.

Ewe no.	No. lambs/litter	Mean litter size	Genotype
6074	1, 4	2.5	<i>FecB^B/FecB^B</i>
7015	2, 2, 2	2.0	<i>FecB^B/FecB⁺</i>
7046	2, 1, 2	1.7	<i>FecB^B/FecB⁺</i>
7056	2, 3	2.5	<i>FecB^B/FecB^B</i>
7062	2, 2	2.0	<i>FecB^B/FecB⁺</i>
7258	4, 3	3.5	<i>FecB^B/FecB^B</i>
8109	2	2.0	<i>FecB^B/FecB⁺</i>
9022	0	0	<i>FecB^B/FecB^B</i>
9046	2	2.0	<i>FecB^B/FecB^B</i>
9059	3	3.0	<i>FecB^B/FecB^B</i>
9060	2	2.0	<i>FecB^B/FecB^B</i>
9081	2	2.0	<i>FecB^B/FecB^B</i>

Receptor de estrogênio em suínos

associação → tamanho da leitegada e polimorfismo do gene ESR

- raça Chinese Meishan → forma do gene (exclusiva) + 0,8 - 1,0 leitão/ leitegada

- homozigoto → + 1,6 - 2,0 leitões / leitegada

- PCR-RFLP

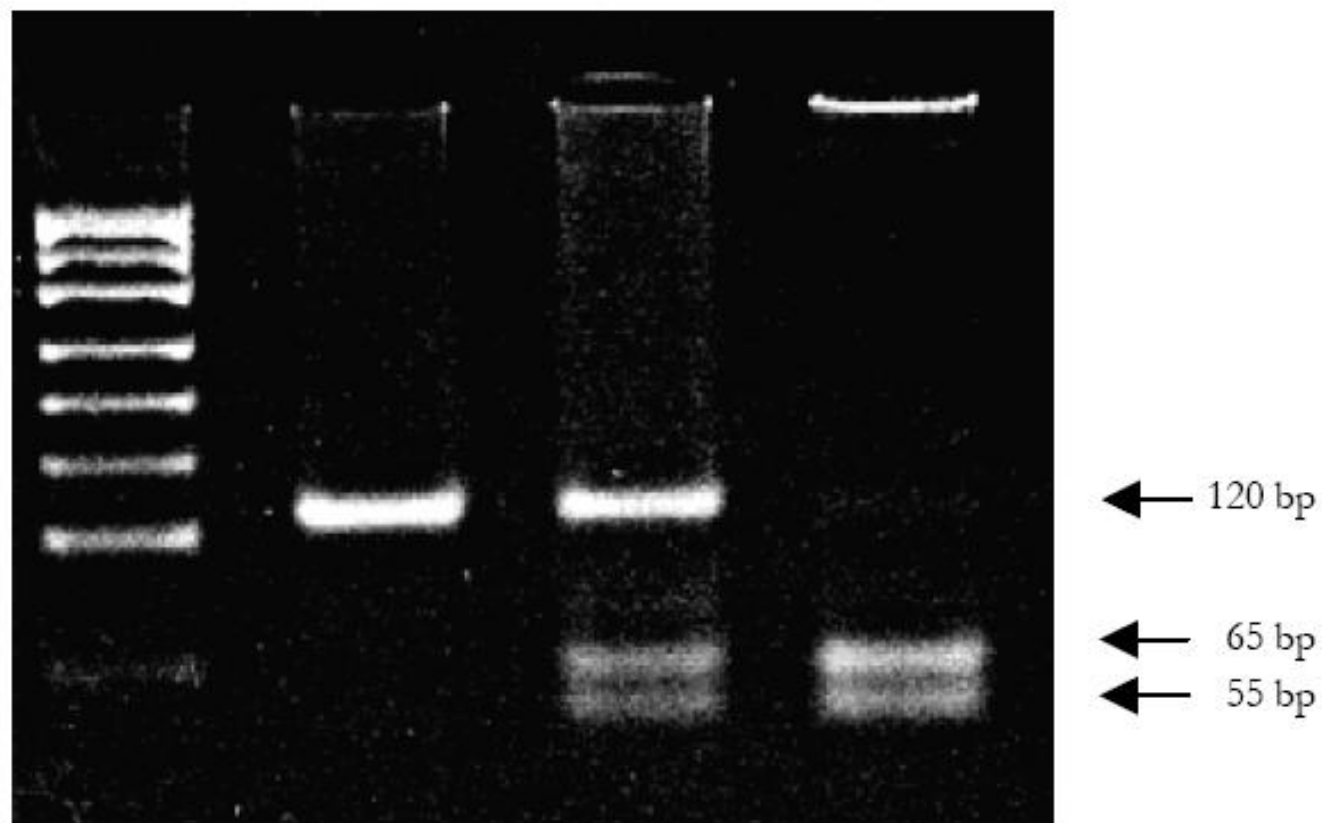


Figure 1. PCR-RFLP fragments of porcine *ESR* gene digested with *Pvu*II. AA, BB – homozygotic genotypes; AB – heterozygotic genotype; M – pUC19/*Msp*I DNA marker





Existem marcadores comerciais ?????

O que temos de concreto ???





National Colorado State University-Cornell University-University of Georgia
Beef Cattle Evaluation
Consortium



Genetic Test
Validation
Results

[Home](#)[About NBCEC](#)[Research](#)[For Producers](#)[For Professionals](#)[Industry Links](#)[Contact Us](#)

Commercial Genetic Test Validation

The purpose of the NBCEC commercial DNA test validation is to independently verify associations between genetic tests and traits as claimed by the commercial genotyping company using phenotypes and DNA from reference cattle populations. The genotyping company requests the validation of their claims and is responsible for genotyping DNA samples provided by the NBCEC. The NBCEC then analyzes the genotypes in conjunction with the relevant trait phenotype information to determine whether there is an association between the results of the genetic test and the phenotype for the claimed trait.

The validation process is a partnership of the owners of DNA and phenotypes (e.g., breed associations) and genomics companies, facilitated by the NBCEC.

<http://www.ansci.cornell.edu/nbcec/validation.html>

GENETIC TEST VALIDATION

Commercial Tests

All Tests:

- Pfizer
- IGENITY
- MMI
- Ancillary Results

Sample Populations

Teste comercializado pela Merial



 Cornell University

Search Cornell

National Colorado State University-Cornell University-University of Georgia
Beef Cattle Evaluation
Consortium



Genetic Test
Validation
Results

Home About NBCEC Research For Producers For Professionals Industry Links Contact Us

Commercial Genetic Test Validation

IGENITY

- [IGENITY Carcass Composition and Average Daily Gain](#)
- [IGENITY Tenderness](#)
- [IGENITY Maternal Traits](#)
- [IGENITY Docility](#)
- [IGENITY Feed Efficiency](#) for Bos indicus-influenced cattle
- [IGENITY Feed Efficiency](#) for Bos taurus cattle
- [IGENITY Website](#)



GENETIC TEST
VALIDATION

Commercial Tests

All Tests:

- Pfizer
- IGENITY
- MMI
- Ancillary Results

Sample Populations

<http://www.igenity.com/>

©2010 Cornell University | [Animal Science Home](#) | [Contact Webmaster](#) | Updated 02/12/2010 15:31:52

IGENITY tenderness

É um teste que utiliza um painel com três marcadores encontrados em genes do sistema de proteólise muscular (UoGCAST1, Calpain 14751 and Calpain1 316)

UoGCAST1 (Troca de G por C)

Calpain1 4751 (Troca T por C)

Calpain1 316 (Troca G por C)

O aumento da maciez esta associado ao alelo C nos três marcadores

Genótipo			Estimativa (Kg)
UoG-Cast1	Calpain 316	Calpain 4751	
CC	CC	CC	-1.04
CG	CC	CC	-0.86
GG	CC	CC	-0.64
CC	CG	CC	-0.86
CC	GG	CC	-0.73
CC	CC	CT	-0.5
CC	CC	TT	0.045
GG	GG	TT	0



Painel IGENITY

Os resultados IGENITY são fornecidos através de escores de fácil compreensão.

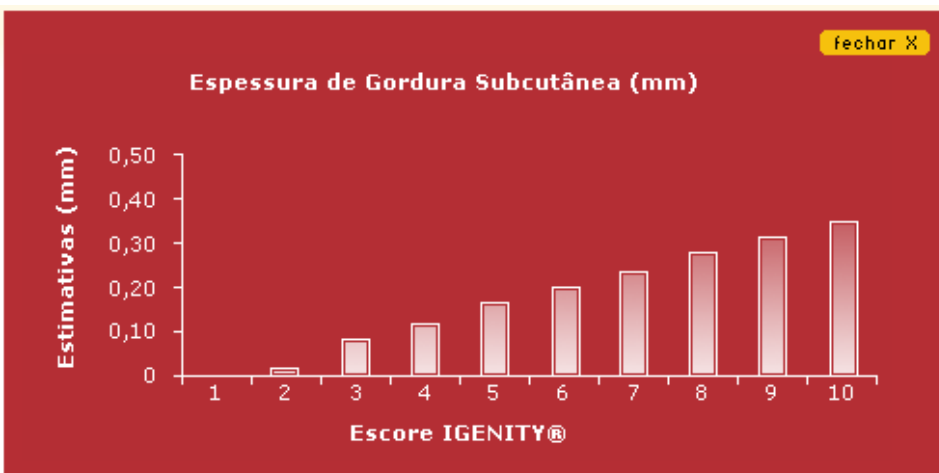
Os escores IGENITY consistem em combinações de diversos marcadores moleculares associados a várias características, que representam o potencial genético do animal.

Animais de escore IGENITY 1 são aqueles que apresentam a combinação de marcadores mais desfavorável para a característica avaliada. Por outro lado, animais de escore 10 são aqueles que apresentam a combinação mais favorável dos marcadores conhecidos e inclusos no painel, para essa característica em questão.

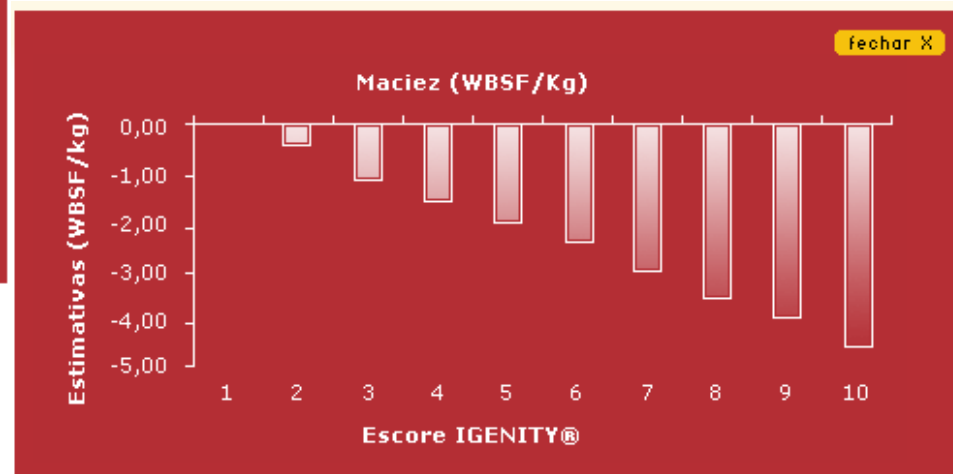
A única exceção a esta regra é a característica "Contagem de Células Somáticas", em que animais de escore 10 são aqueles que apresentam combinação de marcadores associada à alta CCS,

>>> Estimativas IGENITY® associadas a cada escore

Escore IGENITY®	Ganho de Peso Pós Desmama (kg)	Peso a Desmama (kg)	Maciez (WBSF/kg)	Espessura de Gordura Subcutânea (mm)	Espessura de Gordura na Picanha (mm)	AOL (cm²)	Rendimento de Carcaça (%)	Temperamento (%)	Stayability (%)	Precocidade Sexual (%)	Resistência à Parasitas (%)
10	15,50	6,90	-4,53	0,35	1,32	3,71	3,84	25,81	16,81	21,12	16,89
9	13,58	6,00	-3,90	0,32	1,19	3,19	3,41	22,14	14,67	18,79	14,34
8	11,98	5,24	-3,52	0,28	1,04	2,67	2,94	19,40	12,78	16,30	11,93
7	10,26	4,48	-2,99	0,24	0,89	2,26	2,56	16,73	11,00	13,93	9,94
6	8,84	3,69	-2,36	0,20	0,75	1,89	2,11	15,05	9,40	11,88	8,10
5	7,27	2,91	-1,98	0,16	0,61	1,51	1,74	12,62	7,58	9,77	6,80
4	5,58	2,18	-1,59	0,12	0,46	1,17	1,43	9,88	5,79	6,98	4,98
3	3,91	1,44	-1,04	0,08	0,31	0,79	0,99	6,91	3,78	4,85	3,49
2	2,21	0,71	-0,43	0,03	0,17	0,39	0,51	5,12	1,53	2,19	1,62
1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Valor de P	1,45E-26	2,39E-13	2,10E-12	8,63E-18	3,90E-26	1,04E-09	8,29E-10	4,04E-23	7,85E-14	1,58E-08	2,55E-06



Dados fornecidos pela empresa responsável pelo teste no Brasil, para animais da raça Nelore



>>> Estimativas IGENITY® associadas a cada escore

Escores IGENITY®	Maciez (kg de WSBF)	Área de Olho de Lombo (cm²)	Espessura de Gordura Subcutânea (mm)	Marmorismo (USDA)	Rendimento de cortes comerciais Brasileiros (%)	Quality Grade (% Choice)	Ociosidade (%)	Taxa de Prenhez de Novilhas (%)	Facilidade de Parto (%)	Longevidade (%)	CAR (kg/dia) ¹	CAR (kg/dia) ²	IMS (kg/dia) ¹	Ganho de Peso Médio Diário (g/dia)
10	-1,04	16,5	9,4	161,4	4,7	64,4	45,4	18,8	9,5	16,7	2,5	1,9	2,8	360
9	-0,90	14,3	8,1	141,3	4,1	57,2	39,6	16,2	8,4	14,7	2,3	1,6	2,4	320
8	-0,86	12,5	7,1	123,6	3,6	50,1	34,7	14,2	7,3	12,9	1,9	1,4	2,2	290
7	-0,68	10,6	6,1	106,4	3,1	42,9	30,0	12,1	6,2	11,2	1,6	1,2	1,9	240
6	-0,54	8,7	5,3	88,4	2,6	35,8	25,3	10,0	5,1	9,5	1,4	1,0	1,5	200
5	-0,50	6,9	4,3	70,6	2,1	28,6	20,5	8,1	4,1	7,6	1,1	0,8	1,3	150
4	-0,36	5,2	3,3	53,3	1,6	21,5	15,7	6,0	3,1	5,8	0,9	0,6	0,9	110
3	-0,18	3,4	2,3	35,5	1,1	14,3	10,7	4,0	2,0	3,9	0,5	0,4	0,7	60
2	-0,09	1,5	1,5	17,7	0,6	7,2	5,8	1,9	1,0	2,5	0,3	0,2	0,4	20
1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Valor de P	1.9x10-08	7.3x10-05	7.1x10-13	1.1x10-05	1.6x10-16	1.5x10-05	6.4x10-10	2.4x10-07	1.3x10-20	7.5x10-16	4.9x10-13	8.04 x10-8	5.9x10-13	2.4x10-19


¹ Disponível apenas para Brangus, Braford e Brahman. ² Disponível para as principais raças taurinas.


Dados fornecidos pela empresa responsável pelo teste no Brasil, para animais taurinos

Anormalidades genéticas avaliadas por IGENITY:

Nome da Anormalidade	Raças afetadas
Artrocripse Múltipla Congênita	Angus e seus cruzamentos (ex. SimAngus, Balancer, LimFlex)
Diluter ou Hipotricose Congênita	Hereford; Simmental; Gelbvieh
Epilepsia Idiopática	Hereford
Hidrocefalia Neuropática	Angus e seus cruzamentos (ex. SimAngus, Balancer, LimFlex)
Osteopetrose	Somente Red Angus
Hipoplasia Pulmonar com Anasarca	Shorthorn, Maine-Anjou, Chianina, Simmental
Hemimelia Tibial	Shorthorn, Maine-Anjou, Chianina, Simmental

GeneSTAR MVP (Valor molecular predito) disponibilizado pela Pfizer






Cornell University

Search Cornell


National Colorado State University-Cornell University-University of Georgia
Beef Cattle Evaluation
Consortium



Genetic Test
Validation
Results

Home About NBCEC Research For Producers For Professionals Industry Links Contact Us

Commercial Genetic Test Validation



Pfizer Animal Genetics (Bovigen)

- [GeneSTAR Tenderness MVP](#)
- [GeneSTAR Marbling MVP](#)
- [GeneSTAR Feed Efficiency MVP](#)
- [Pfizer website](#)
- [Other third-party validation reports](#)

GENETIC TEST
VALIDATION

Commercial Tests

All Tests:

- Pfizer
- IGENITY
- MMI
- Ancillary Results

Sample Populations

http://www.pfizeranimalgenetics.com/Pages/genestar_mvp.aspx



GENE DA CALPASTATINA

GENESTAR (Aústralia - 2000)

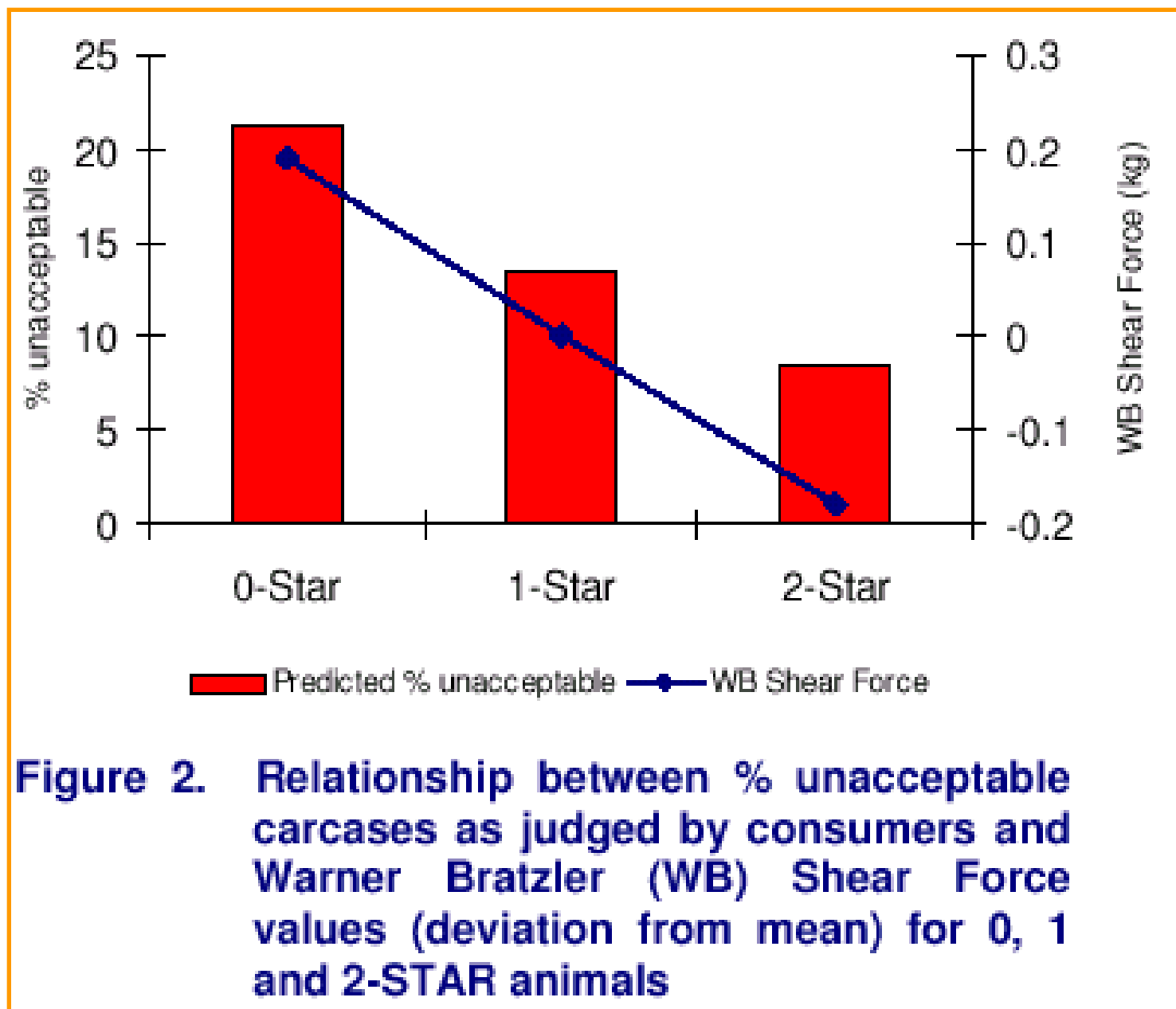
Importância: inibidor da ação das calpaínas (maciez)

Bos indicus → + calpastatínas que *Bos taurus*

Comercialização : patente (US\$ 60 / animal)

Cromossomo 7 - 2 polimorfismos do gene

Classificação: Estrelas	{	0 Dura
		* Moderadamente macia
		* * Macia



GeneStar tenderness (Genotipagem de 3 locus) 2004

Ainda sistemas de estrelas (6 estrelas)

Tabela 01. Estimativas da força de cisalhamento (kg) associadas aos genótipos GeneSTAR®Tenderness mais freqüentes nas raças estudadas, quando comparados ao genótipo referência.

Raça	Genótipos mais freqüentes			Força de Cisalhamento
	CAST-T1	CAPN1 316-T2	CAPN1 4751-T3	
Charolês x Angus	TT	GG	CT	-0,5
Hereford	TC	GG	CC	-0,5
Brahman	TC	GG	TT	-0,2
Referência¹	CC	GG	TT	0

¹Genótipo que não possui nenhum alelo favorável para os 3 marcadores Adaptado de Van Eenennaam et al. (2007)

GeneStar tenderness (Genotipagem de 3 *locos*) 2004

Ainda sistemas de estrelas (6 estrelas)

Genótipo			Estimativa (Kg)
Cast1 – T1	Calpain 316	Calpain 4751	
CC	CC	CC	-1.00
CG	CC	CC	-0.80
GG	CC	CC	-0.70
CC	CG	CC	-0.80
CC	GG	CC	-0.70
CC	CC	CT	-0.8
CC	CC	TT	- 0.6
GG	GG	TT	0

GeneStar tenderness MVP (Genotipagem de 56 locus) 2006

Resultado da primeira análise de genoma completo em bovinos utilizando 1000 SNPs

Table 1 – From STARS to MVPs.

	Number of Markers	Results Expressed	Reliability Value	Validated
Original GeneSTAR	11 ^a	STARS ^b	NA ^c	✓
New GeneSTAR MVP	56	Trait Prediction ^d	26 – 49% ^e	✓✓

Table 4 – Associations between GeneSTAR MVPs and trait phenotypes from internal populations.

Trait	Range in N	Fitting 56-marker panel ^{a,b,c}			
		Correlation (R) ^d	% Reliability ^e	% Genetic Variation ^f	P-value ^g
Feed Efficiency					
Overall	1,749	0.13	29.8	12.1	
Range	114–605	0.02–0.28	3.4–63.1	0.1–39.8	0.87–0.001
Marbling					
Overall	6,127	0.12	25.5	9.2	
Range	206–1,037	0.02–0.28	3.1–61.5	0.1–37.8	0.84–0.01
Tenderness					
Overall	2,030	0.30	49.1	24.6	
Range	206–996	0.17–0.35	30.5–53.1	9.3–28.2	0.02–0.01


Resultados do Teste de Validação Independente

Table 2. Genotypic (for the favorable allele) and allelic frequencies for SNP marker loci and tests for Hardy-Weinberg equilibrium

Marker	Favorable allele	Population description	Genotype, %			No. of cattle	Frequency		Hardy-Weinberg P-value	Reference
			0	1	2		Unfavorable allele	Favorable allele		
CAST-T1	T	Charolais × Angus	1	11	88	409	0.06	0.94	0.25	Present study
		Hereford	16	50	34	322	0.41	0.59	0.88	Present study
		Brahman	11	46	43	674	0.34	0.66	0.84	Present study
		Angus	1	21	78	1,078	0.12	0.89	0.70	GeneNote 4
		Hereford	2	28	70	733	0.16	0.84	0.64	GeneNote 4
		Shorthorn	0.5	2.5	97	298	0.02	0.98	0.27	GeneNote 4
		Brahman	18	50	32	768	0.43	0.57	0.88	GeneNote 4
		Belmont Red	4	35	61	1,137	0.22	0.79	0.47	GeneNote 4
		Santa Gertrudis	8	37	55	1,014	0.27	0.74	0.31	GeneNote 4
		STARS (Brahman) ³	6	44	50	444	0.28	0.72	0.21	Casas et al., 2006
UoG-CAST	C	Charolais × Angus	5	33	62	412	0.21	0.79	0.92	Present study
		Brangus	5	32	63	203	0.21	0.79	0.96	Present study
		Red Angus	8	36	56	305	0.26	0.74	0.64	Present study
		Brahman	33	47	20	344	0.57	0.43	0.76	Present study
CAPN1 4751	C	Charolais × Angus	27	54	19	435	0.54	0.46	0.22	Present study
		Brangus	20	51	29	219	0.45	0.55	0.95	Present study
		Red Angus	26	54	21	307	0.53	0.47	0.46	Present study
		Hereford	71	25	4	305	0.84	0.16	0.37	Present study
		Brahman	88	11	1	674	0.94	0.06	0.07	Present study
		Cycle VII	19	47	34	550	0.42	0.58	0.70	White et al., 2005
		Cycle VIII	12	48	40	596	0.36	0.64	0.65	White et al., 2005
		STARS (Brahman)	81	19	0	471	0.90	0.10	0.13	White et al., 2005
CAPN1 316	C	Charolais × Angus	58	37	4	435	0.77	0.23	0.43	Present study
		Brangus	67	31	2	217	0.82	0.18	0.61	Present study
		Red Angus	59	36	5	307	0.77	0.23	0.97	Present study
		Brahman	96	4	0	674	0.98	0.02	0.90	Present study
		Hereford	56	40	4	309	0.76	0.24	0.25	Present study
		Cycle VII	64	32	5	532	0.80	0.20	0.99	White et al., 2005
		Cycle VIII	58	37	5	599	0.76	0.24	0.81	White et al., 2005
		STARS (Brahman)	97	3	0	470	0.98	0.02	0.48	Casas et al., 2005


MGV (Valor genético molecular) - CARGILL e MMI Genomics



**Cornell University**

Search Cornell


National Colorado State University-Cornell University-University of Georgia
Beef Cattle Evaluation
Consortium



Genetic Test Validation Results

Home About NBCEC Research For Producers For Professionals Industry Links Contact Us

Commercial Genetic Test Validation



MMI Genomics

- [Tru-Marbling](#)
- [Tru-Tenderness](#)
- [MMI Genomics website](#)

GENETIC TEST VALIDATION

Commercial Tests


All Tests:

- Pfizer
- IGENITY
- MMI
- Ancillary Results

Sample Populations

©2010 [Cornell University](#) | [Animal Science Home](#) | [Contact Webmaster](#) | Updated 02/12/2010 15:31:52

<http://www.metamorphixinc.com/products1.html>



Surgiu em 2002

Validado somente na raça ANGUS, em estudo com animais Simental

TRU-marbling = 128 marcadores

TRU-tenderness = 11 marcadores

TRU-gain = 92 marcadores (ainda em estudo)

MGV (Valor genético molecular) = Estimativa do potencial genético de um indivíduo calculado pela soma de todos os efeitos genéticos de localizações específicas do genoma incluindo efeito aditivo e não aditivo. Entretanto, o MGV calcula o efeito de quanto cada marcador de DNA contribui para o resultado, avaliando o tamanho (pequeno ou grande) e a direção do efeito (positivo e negativo) e combina a informação para todos os marcadores em um valor único que pode ser utilizado como um indicador geral do potencial genético.



Qual a aceitação destes testes no
mercado ?????????????



Selecionado para participar dos programas de qualidade de carne da Agrozurita, possui musculatura invejável, com excelente área de olho de lombo e cobertura de gordura, destacando-se por uniformizar a produção tanto de rebanhos puros quanto comerciais. Segundo o Prof. Dr. Mario de Beni Arrigoni, da Unesp de Botucatu, tem capacidade para produzir animais extremamente precoces com alto rendimento de carcaça e camadas de gordura requerida pelos frigoríficos. Seus bezerros $\frac{1}{2}$ sangue foram avaliados como excelente área de olho de lombo e precocidade de terminação de carcaça. Facilidade de parto e pigmentação são duas características presentes em seu pedigree e foi comprovado pelo programa GeneStar como duas estrelas, o que garante para a toda sua progênie no mínimo uma cópia do gene da maciez da carne.

>>> Resultados IGENITY®

Codigo	TOURO	Maciez	Marmoreio	Quality Grade	Yield Grade	EGS	AOL	Taxa de prenhez de novilhas	Longevidade	Facilidade de parto	Docilidade
ANGUS											
1AN1018	BANDO 9074	5	8	8	7	7	4	5	4	8	4
1AN1030	NEW FRONTIER	3	6	5	6	7	6	8	6	7	6
1AN1043	BENNETT TOTAL	8	10	10	8	8	3	3	4	9	3
1AN1044	FINAL ANSWER	9	8	8	8	9	3	5	4	9	3
1AN1050	KRUGERRAND	9	6	6	8	9	3	6	4	8	3
1AN1064	TRAVELER 004	7	8	7	8	8	4	7	5	8	3
1AN1074	EXALTATION	7	9	8	8	8	3	5	4	8	3
1AN1086	COMMANDER	7	6	6	8	7	4	7	5	9	3
1AN1087	STRUT	9	8	8	8	7	4	6	5	8	4
1AN1089	OAK HOLLOW	7	9	9	8	8	4	4	4	9	2
1AN1094	INDEX	5	8	7	7	7	4	6	4	8	4
1AN1095	OBJECTIVE 3J15	6	8	7	6	7	5	5	4	8	4
1AN1099	DENSITY	6	7	6	8	9	3	6	4	8	3
1AN1105	MATRIX	5	8	8	6	6	5	6	5	8	5
1AN1106	349M	4	8	7	6	7	5	7	6	8	4
1AN1107	BRUSHPOPPER	6	8	8	7	7	4	5	4	7	3
1AN1116	UPWARD	9	8	8	8	9	3	5	5	10	2
1AN1117	THUNDER	10	9	10	8	7	3	6	5	9	3
1AN1119	NET WORTH	7	6	6	7	9	4	5	4	9	3
1AN1120	RITO REVOLUTION	6	6	5	7	8	4	6	3	9	3

>>> Resultados IGENITY®

Codigo	TOURO	Maciez	Marmoreio	Quality Grade	Yield Grade	EGS	AOL	Taxa de prenhez de novilhas	Longevidade	Facilidade de parto	Docilidade
RED ANGUS											
1AR0885	ALL BEEF	7	6	6	7	7	4	4	4	5	3
1AR0896	MAJOR LEAGUE	9	8	8	7	8	4	5	4	5	3
1AR0904	MISSION STATEMENT	10	9	10	8	9	3	4	5	7	2
1AR0907	BIG SKY	5	6	5	6	8	5	6	4	5	4
1AR0909	JAVELIN	10	8	8	8	10	3	6	5	5	3
1AR0911	PACKER	9	5	5	7	9	5	7	4	6	3
1AR0913	%IMF	6	6	5	6	7	5	6	5	5	4
1AR0917	BANK STATEMENT	7	6	6	5	5	5	5	8	8	6
1AR0918	FULL THROTTLE	6	7	7	7	6	5	7	6	4	4
CHAROLES											
1CH0939	MONTANA SILVER	4	7	7	7	6	4	6	5	6	2
1CH0944	WESTERN SPUR	5	8	8	6	6	5	4	5	5	4
1CH0945	NO DOUBT	4	6	5	3	4	8	7	6	2	8
1CH0947	BLUEGRASS	1	4	4	3	3	8	7	5	3	8
1CH0950	EASYBLEND	6	5	5	6	5	8	5	6	6	5
HEREFORD											
1HP0814	NEW DIMENSION	4	4	3	6	7	5	7	4	5	4
1HP0815	VIC K16	4	6	5	6	7	5	7	4	5	4
1HP0816	LEGEND242	4	8	7	8	7	4	7	4	5	4
1HP0820	FIRST CLASS	7	7	6	8	8	4	8	5	4	5
1HP0824	STOCKER	6	5	5	4	4	5	8	5	6	6
1HH0103	DOMINO 245	4	6	5	7	7	5	7	4	4	6

 **MMI GENOMICS, INC.**



1756 Picasso Avenue
Davis, California 95618
1.800.311.8808
www.breedtru.com

MOLECULAR GENETIC VALUE (MGV) REPORT

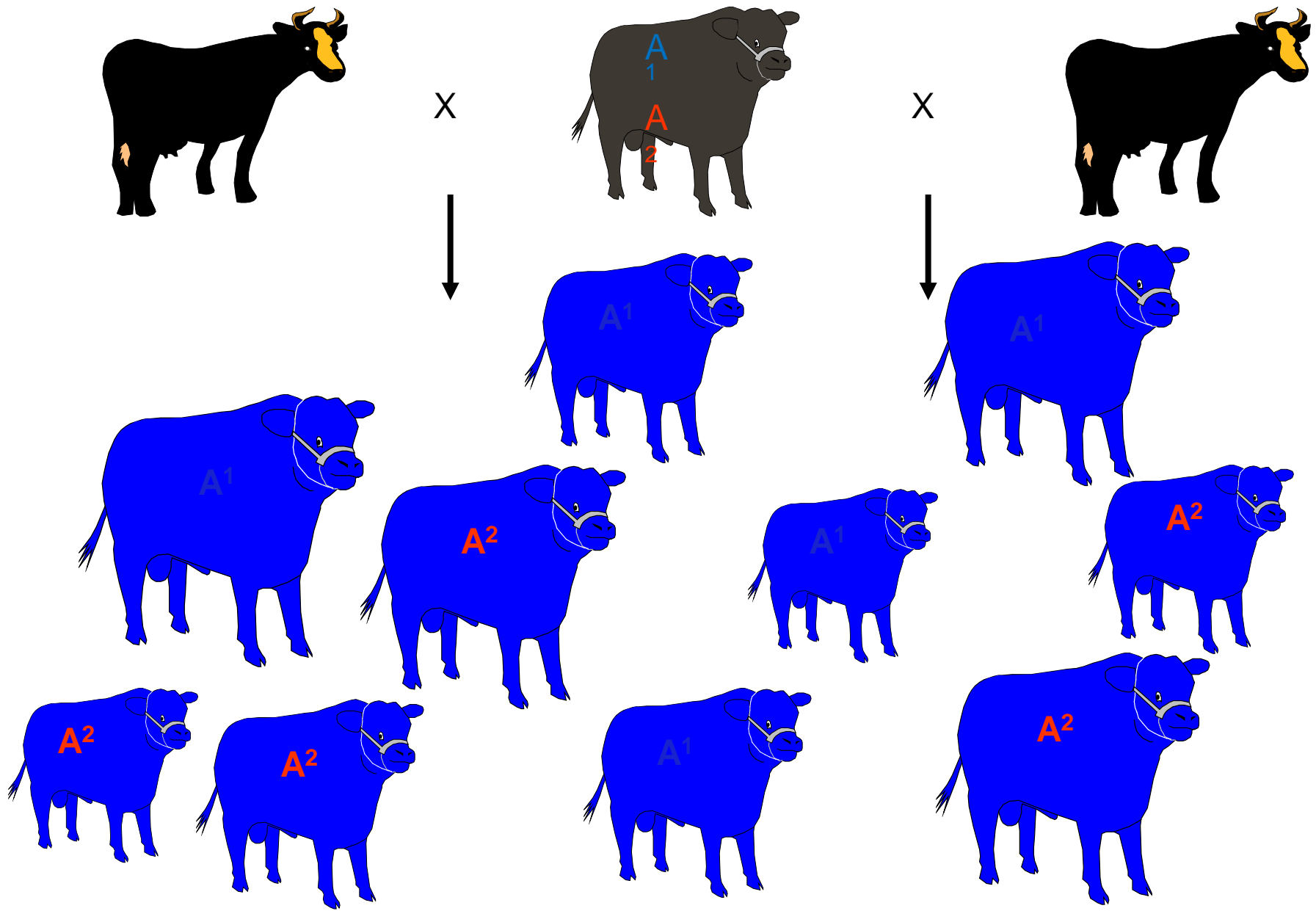
NAME	Legends of the West - Angus Farm	REPORT DATE	08/23/2006
ADDRESS	13457 Trujillo Creek Road Aguilar, CO 81020	ORIGINAL REPORT	08/23/2006
		CASE ID	MT-0059302S
		CUSTOMER	LWAF - Legends of the West Angus Farm
CONTACT	Wes Johnson, Foreman		

TRU-MARBLING and TRU-TENDERNESS REPORT

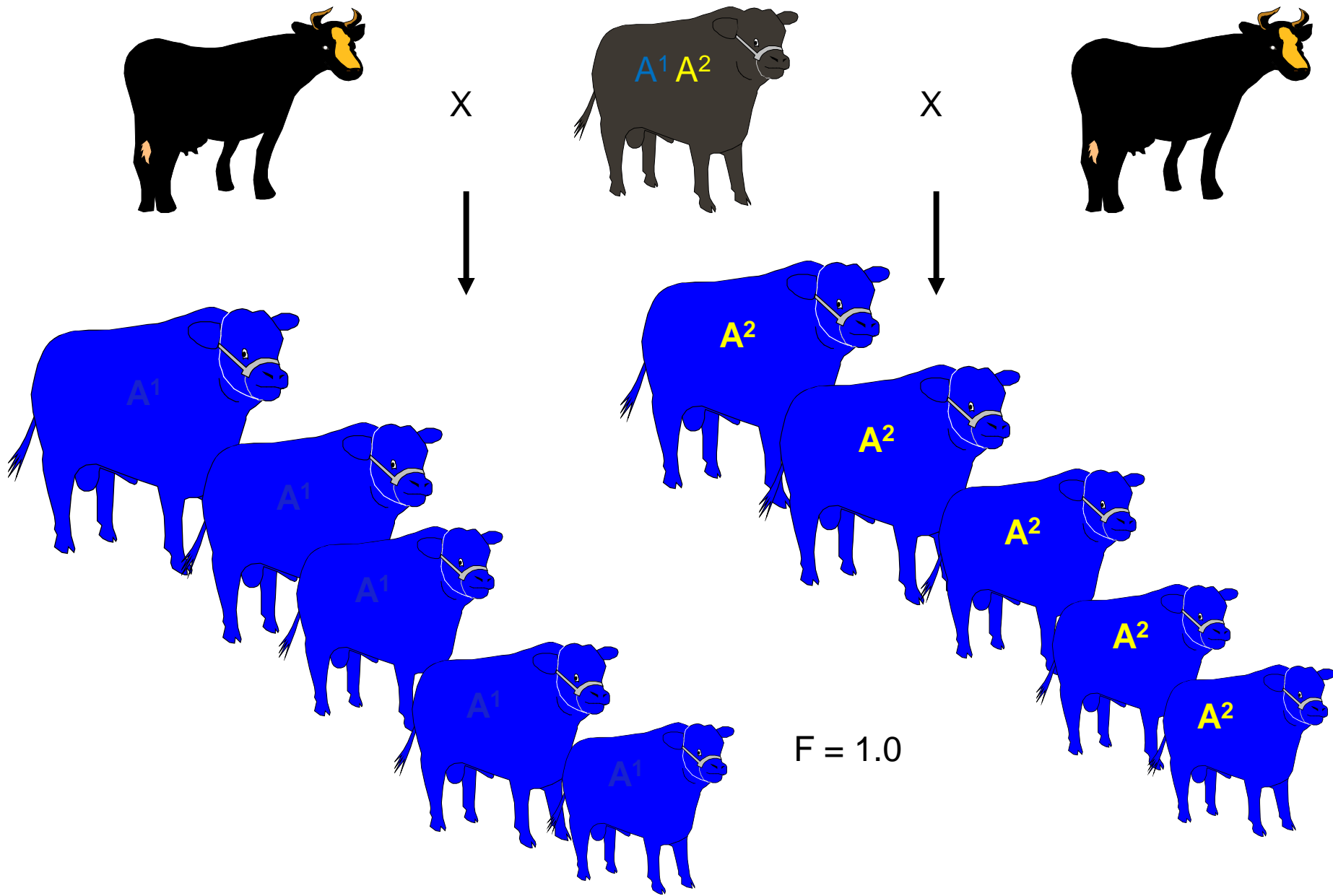
BREED	NAME	REG #	TAG/ TATTOO	SEX	BORN	SAMPLE ID	MARBLING MGV	TENDERNESS MGV
Angus	AF Paul Bunyan	19352178	AZ-105	M	06/14/2004	0539812G	-28.61	0.92
Angus	AF Casey Jones	19352211	AZ-112	M	05/29/2004	0539813G	-19.41	-3.98
Angus	AF Alamo Rising	19352385	AZ-146	M	06/19/2005	0539814G	42.79	-0.75
Angus	AF Geronimo	19352448	AZ-175	M	12/20/2004	0539815G	70.15	-4.40

Estudios de QTLs (Locus de características cuantitativas)

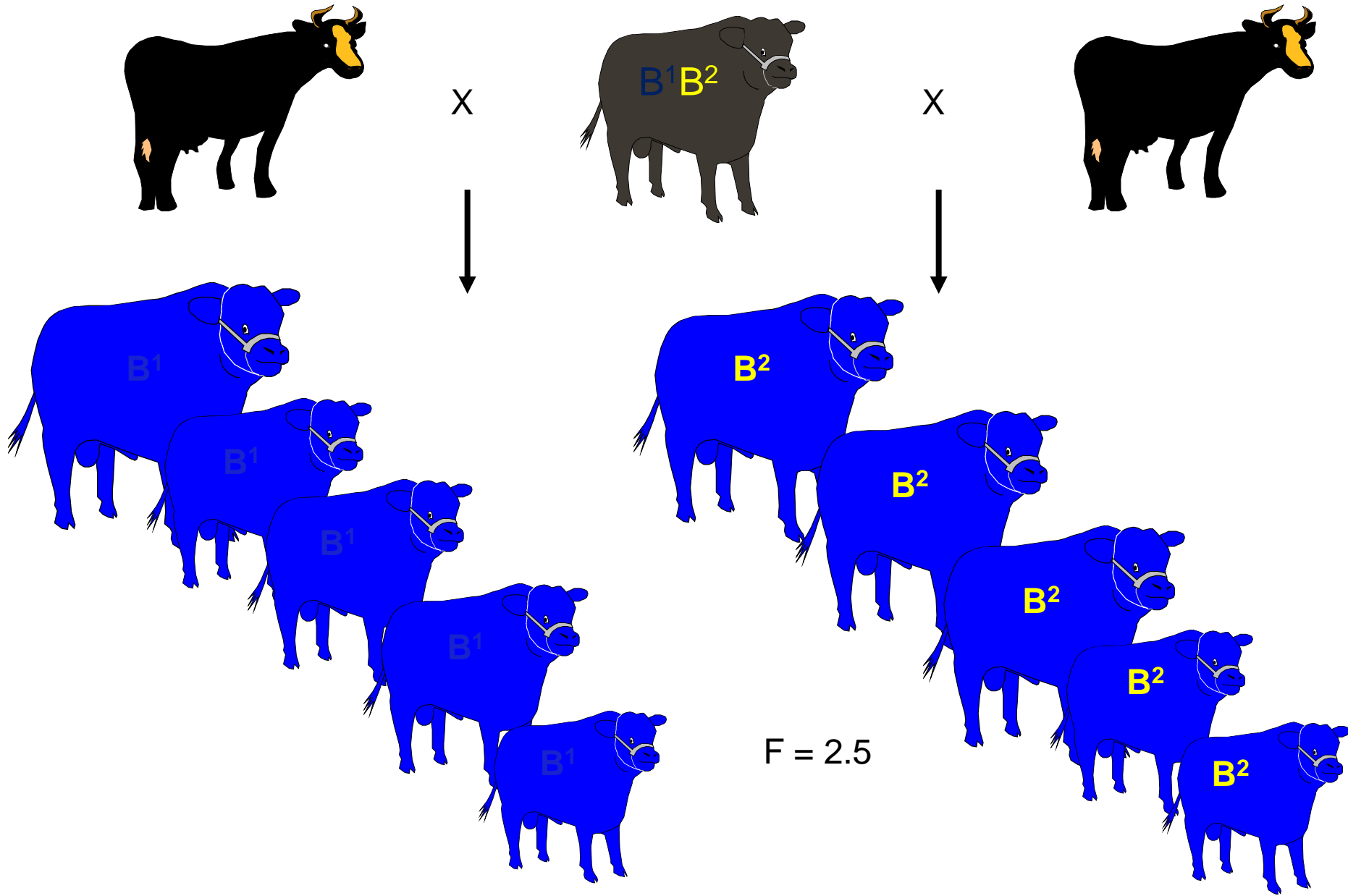
Família de Meio-irmãos



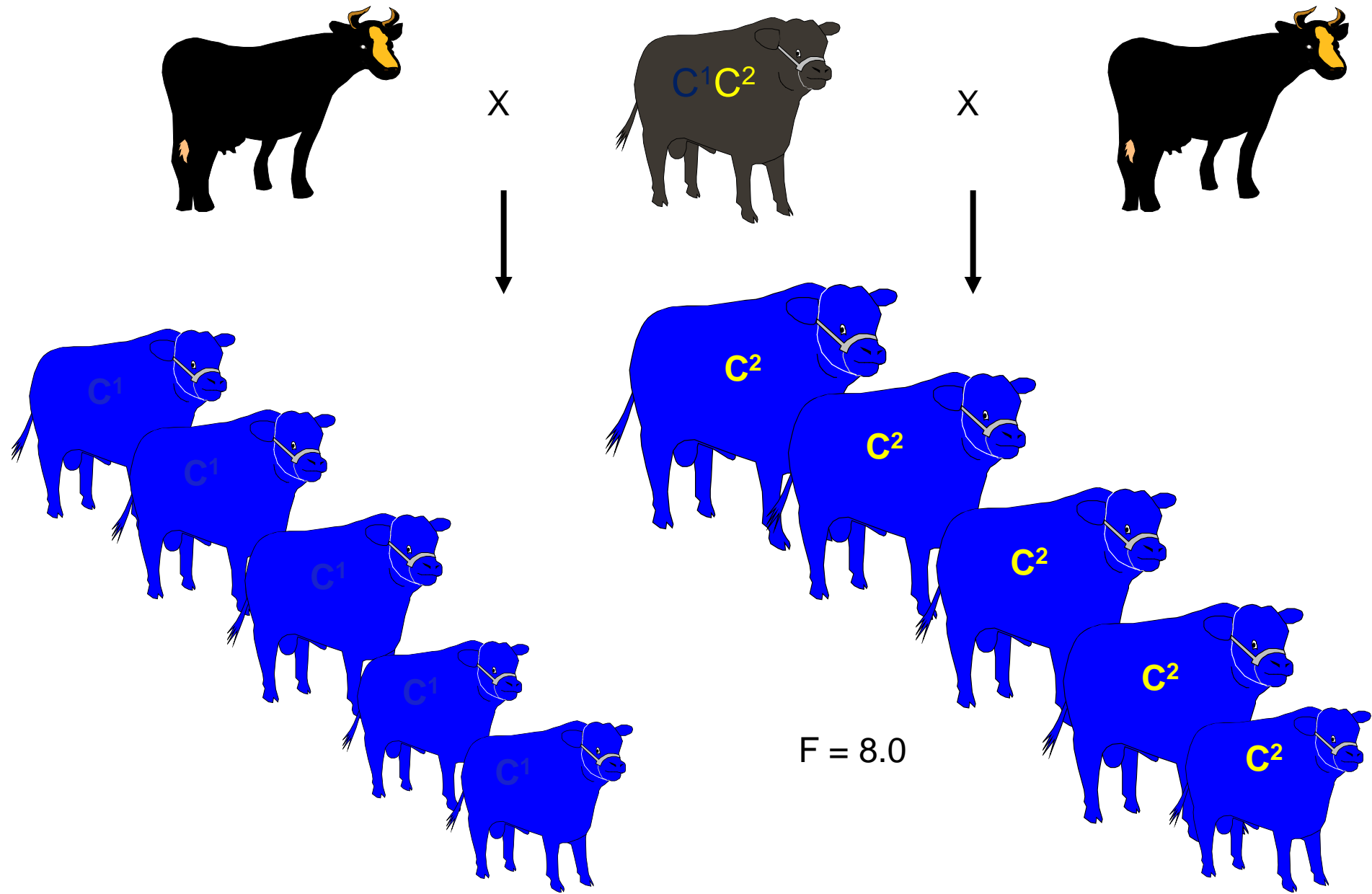
Família de Meio-irmãos



Família de Meio-irmãos

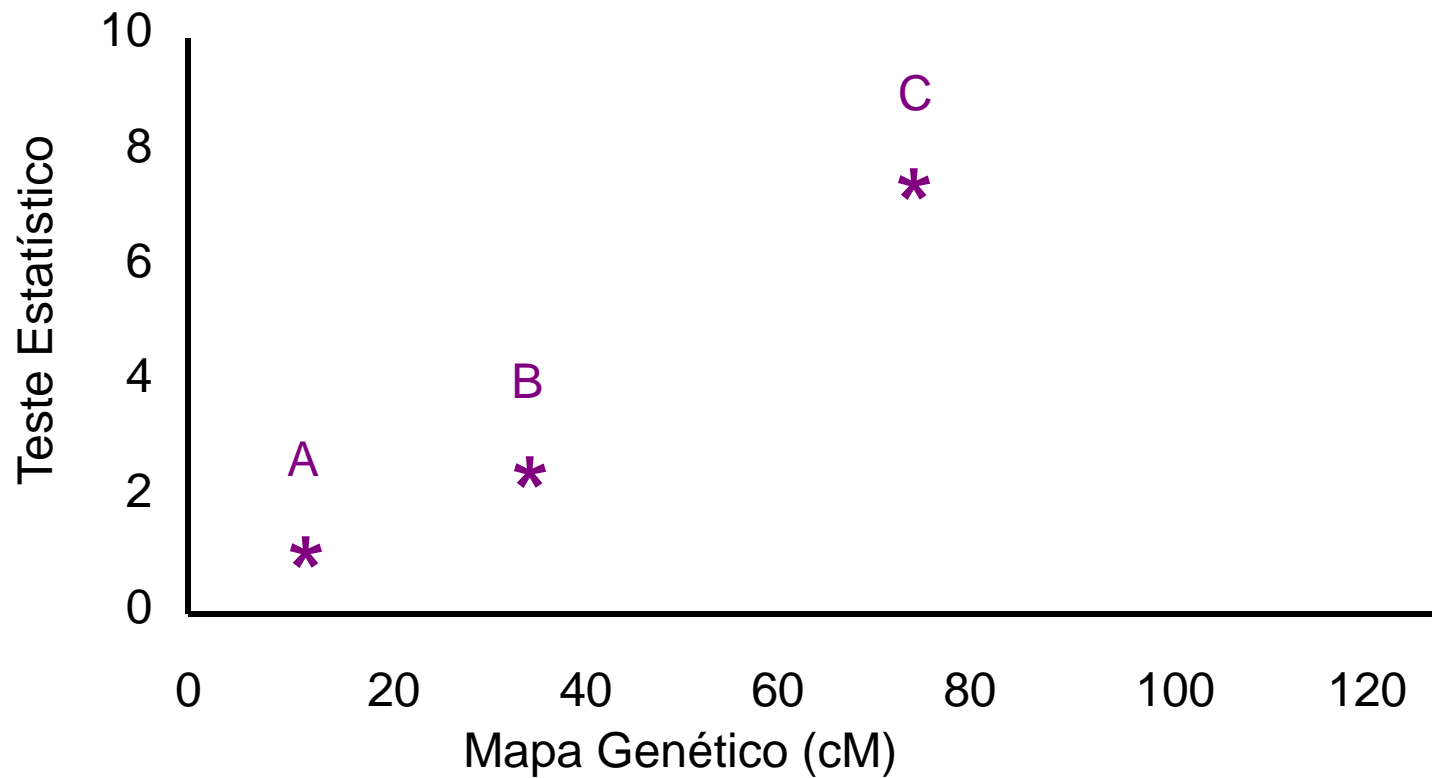


Família de Meio-irmãos

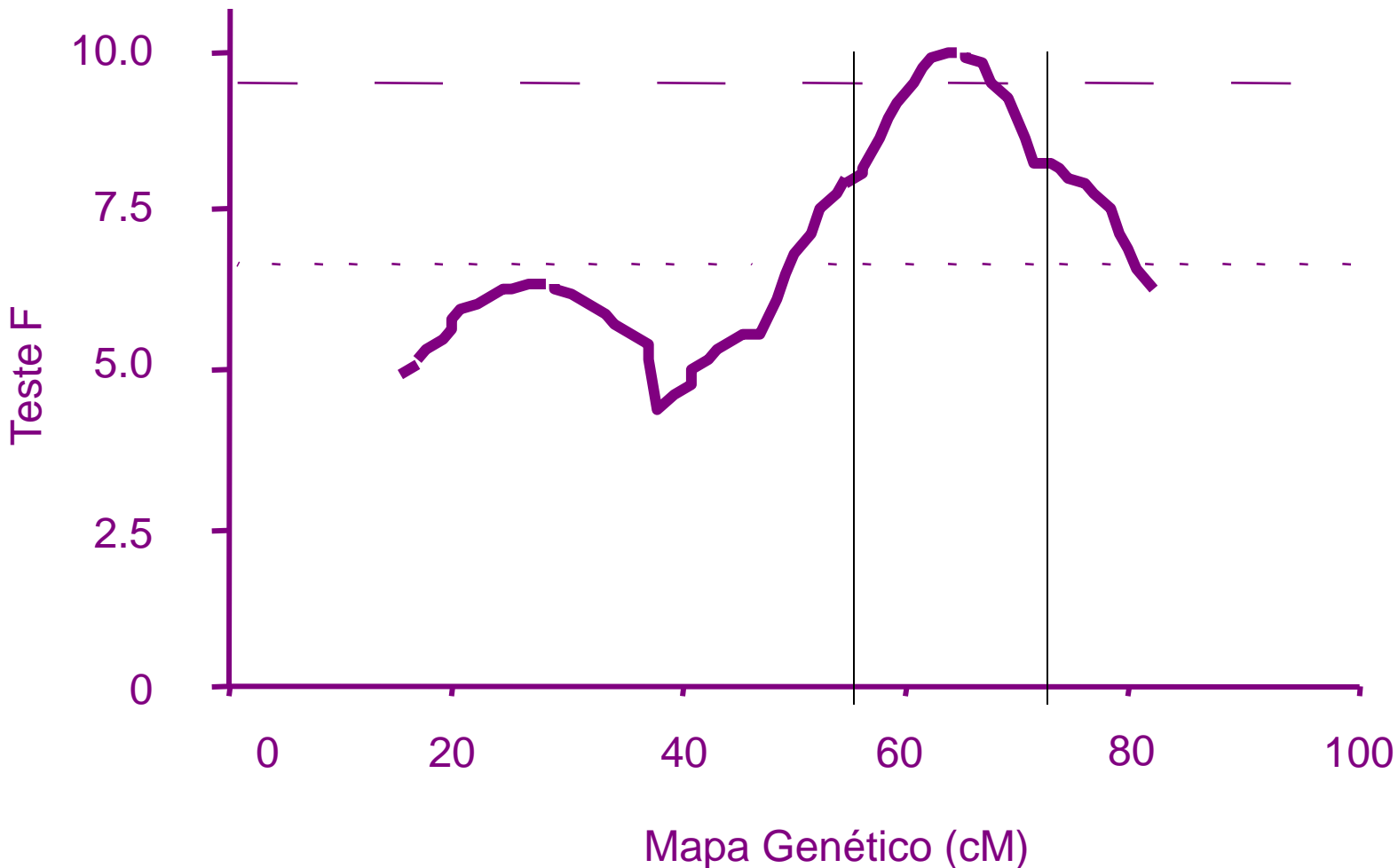


Mapeando QTL

Teste de associação: locus vs. fenótipo



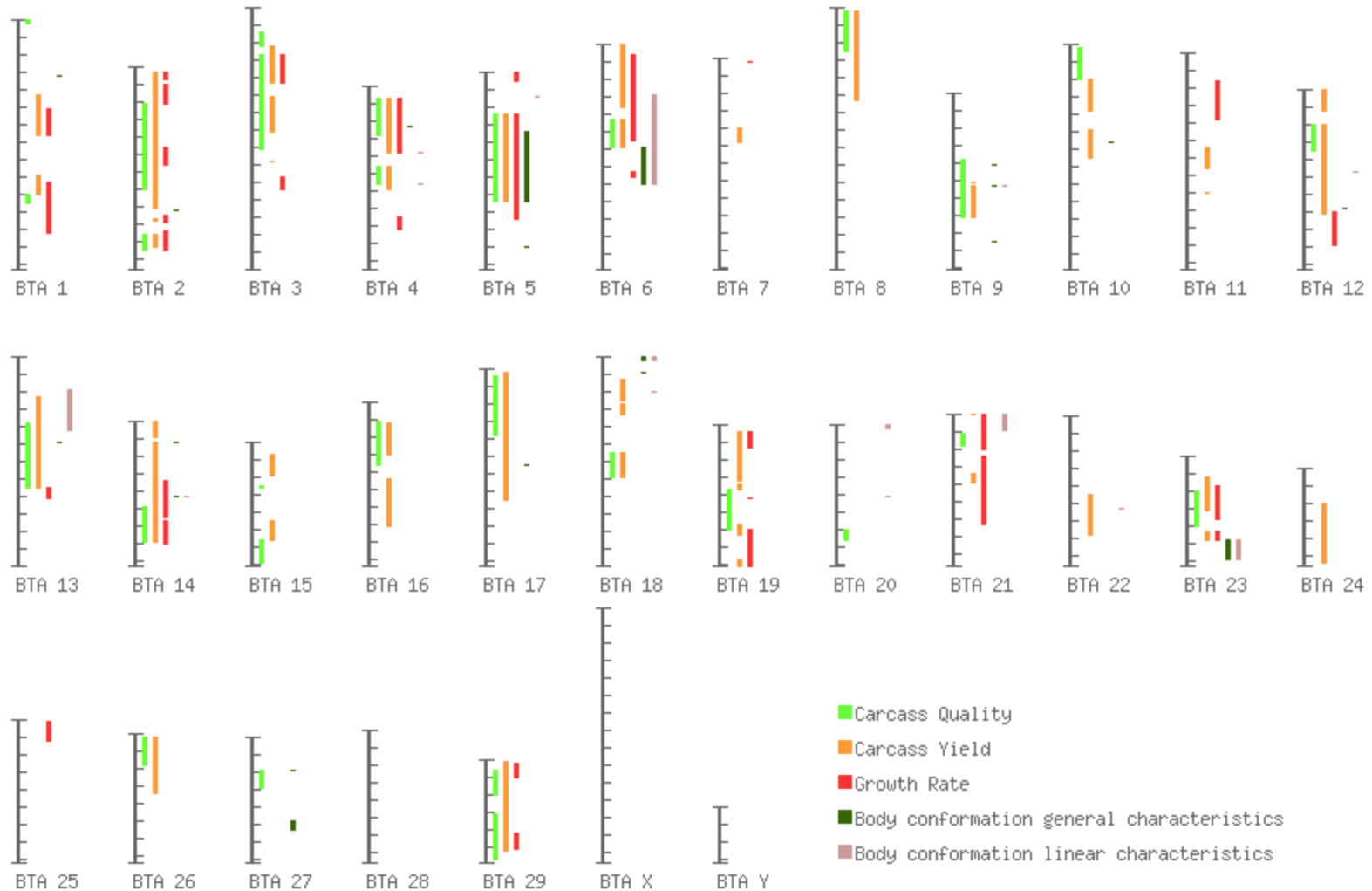
Exemplo: BTA19 e prenhez gemelar



The Bovine QTL Viewer

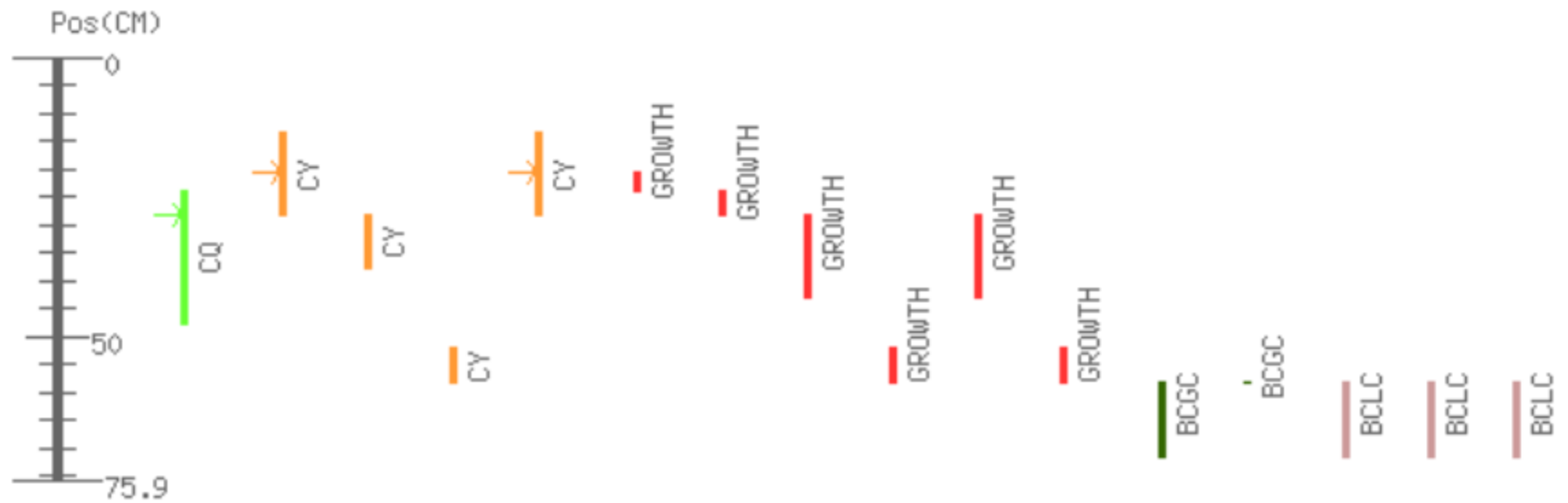
[Normal](#)

[Zoom In](#) [Zoom Out](#)



<http://genomes.sapac.edu.au/bovineqtl/home.php?userid=guest&password=guest>

BTA 23



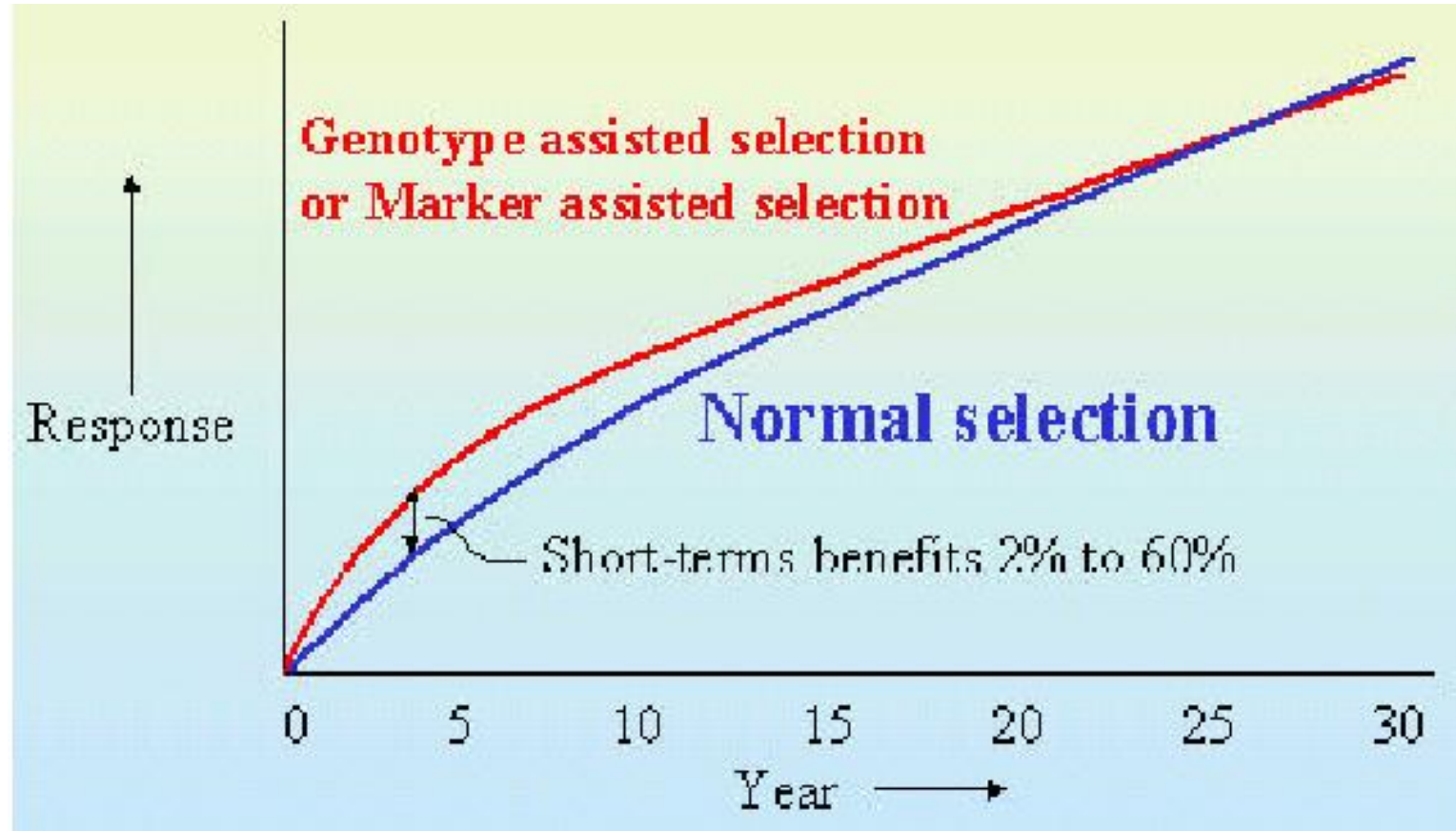
<http://genomes.sapac.edu.au/bovineqtl/home.php?userid=guest&password=guest>

Marcadores moleculares não serve para selecionar toda e qualquer característica...

- ✓ Quando a herdabilidade é baixa
 - Fecundidade
- ✓ Quando é limitada a um sexo
 - Produção de leite, fecundidade da fêmea
- ✓ Quando a expressão é tardia
 - Produção de leite, longevidade
- ✓ Quando é difícil de medir
 - Resistência a doenças, características de carcaça

MAS = seleção assistida por marcadores moleculares

Seleção Assistida por Marcadores é melhor no curto prazo...



Kinghorn & Werf, 1998

Um programa de Seleção Assistida por Marcadores não deve ser baseado somente em marcadores...

MAS deve ser um procedimento de seleção baseado em marcadores moleculares e dados fenotípicos.

Casamento perfeito:

Marcadores moleculares são usados para selecionar para os QTL/genes de interesse e valores fenotípicos são usados para selecionar para o efeito poligênico

Um programa de Seleção Assistida por Marcadores não deve ser baseado somente em marcadores...

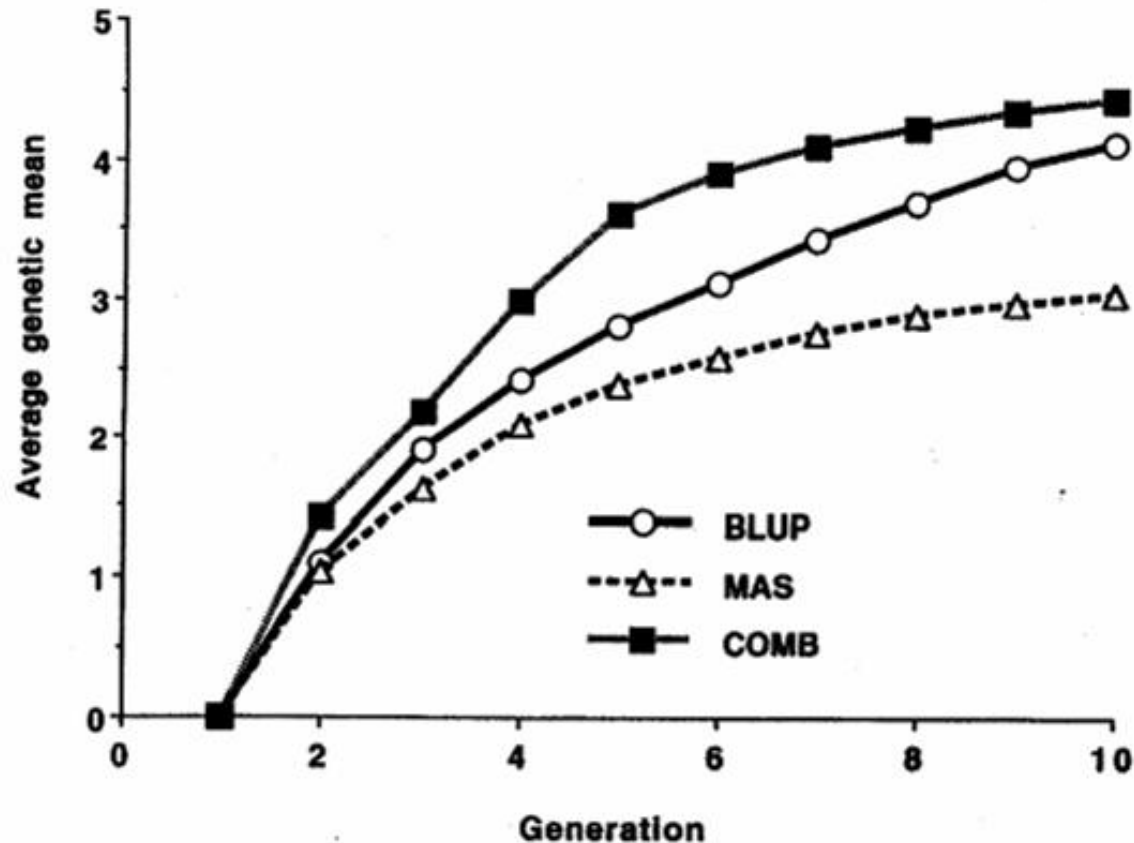


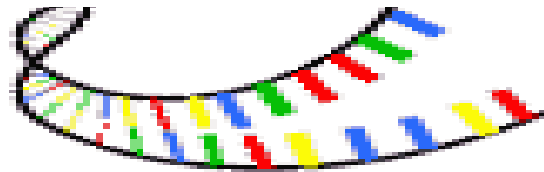
Figure 6.2 Marker assisted selection from a synthetic population. Based on data presented by Zhang and Smith (1992). Selection from an F_2 population for a trait with a heritability of 0.25. Selection was on markers (Δ), BLUP breeding values (\circ), or a combination of marker and phenotypic information (\blacksquare).

Estudos de associação de SNPs no
genoma completo com
características de interesse

Marcadores SNPs (Snips)

Polimorfismo

“poli” = muitos “morfismo” = forma



A C T C A G T T G A

População Geral

94%

A C T C A G T T T A

Polimorfismo de
nucleotídeo único
(SNP)

6%

3 – 12 milhões SNPs

Van Tassel (2011)

(Van Tassel, 2011)

Seleção Genômica

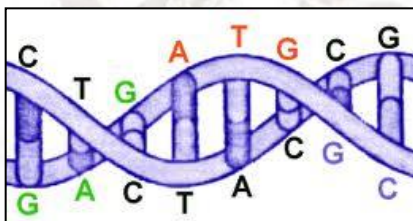
Definição (Meuwissen et al., 2001)

Seleção simultânea para vários (dezenas ou centenas de milhares) de marcadores cobrindo de modo denso todo o genoma, de tal forma que todos os genes estejam em desequilíbrio de ligação com pelo menos alguns desses marcadores

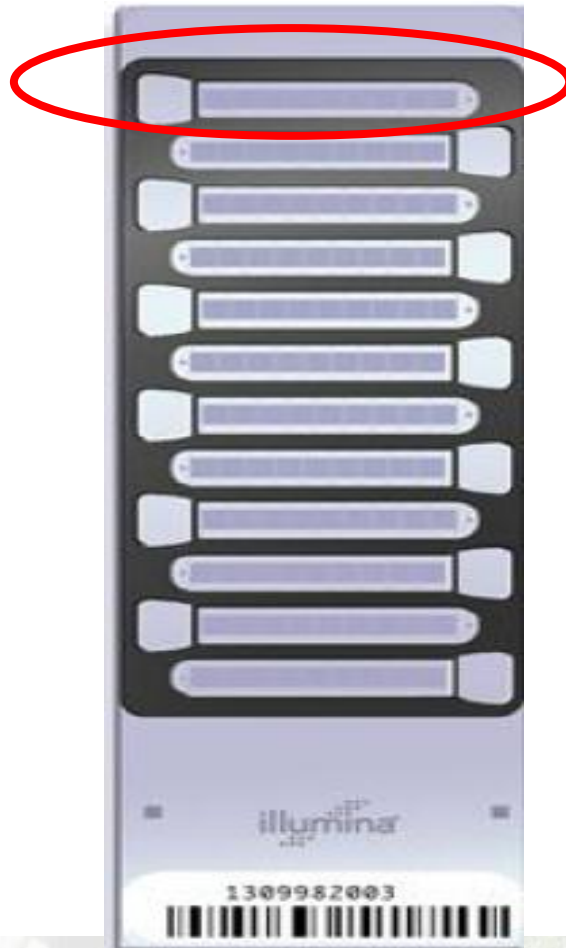
Seleção Genômica

Calibração (estimação dos efeitos dos SNP's)

Genótipos



SNP's

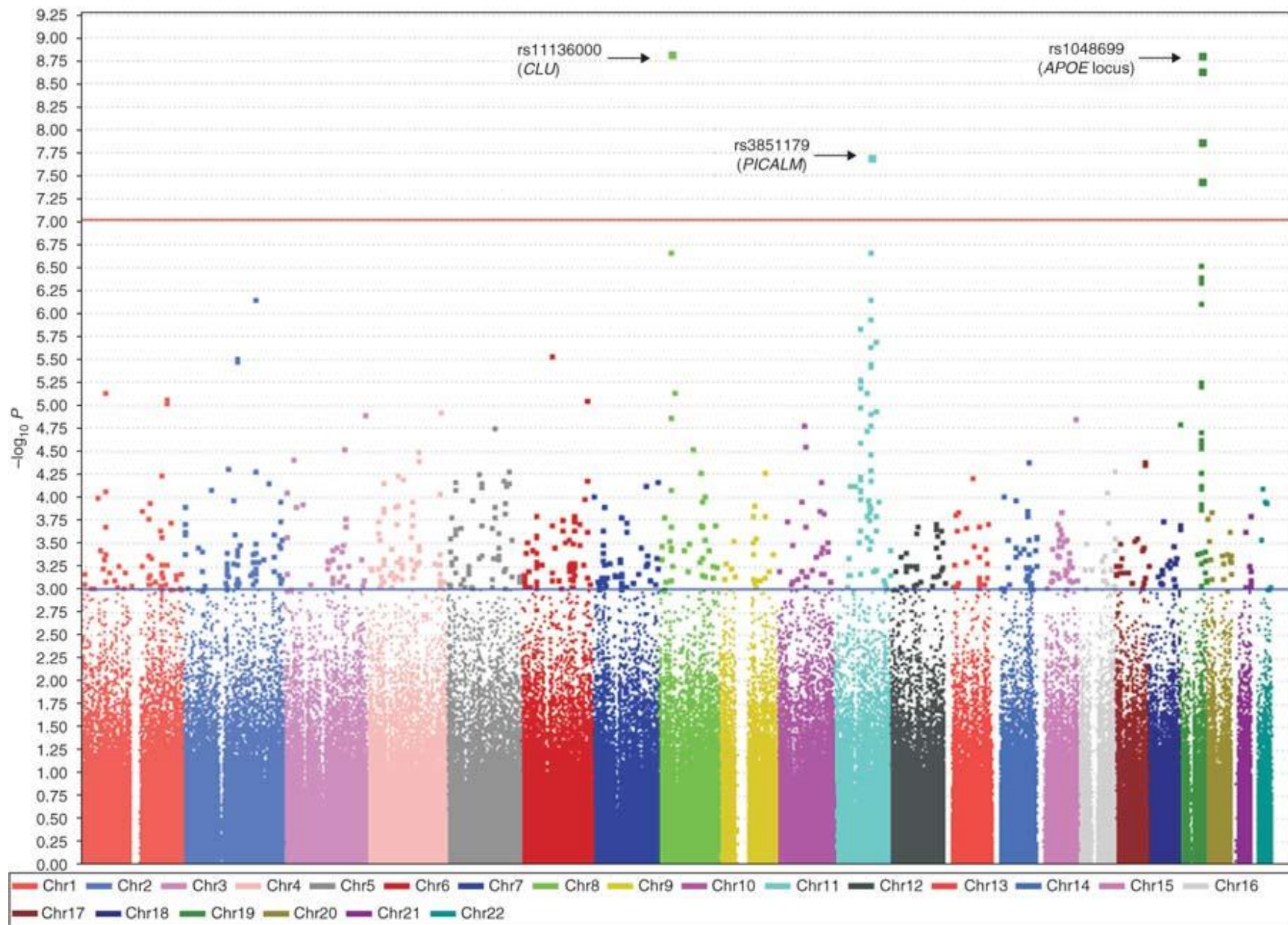


Illumina
BovineSNP50
BeadChip ®

~ 50.000 SNPs

~ \$ 200,00
(por animal)

Seidel Jr (2010)



Varredura do genoma para Marmoreio

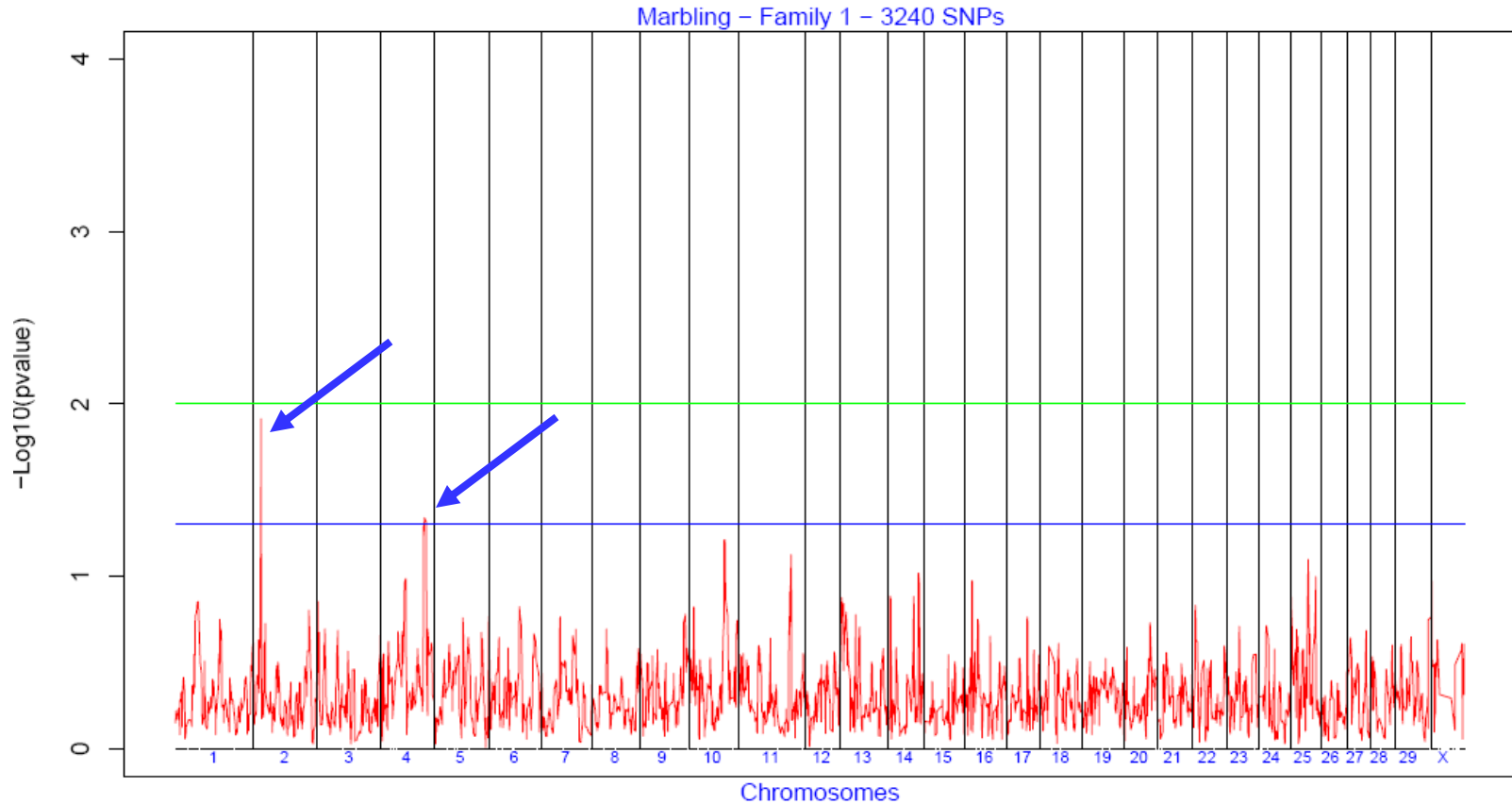


Figura. Varredura do genoma, usando o nível de significância de uma média móvel de cinco SNPs, para o marmoreio da carne na família de meio-irmãos paternos número 1.

Varredura do genoma para Marmoreio

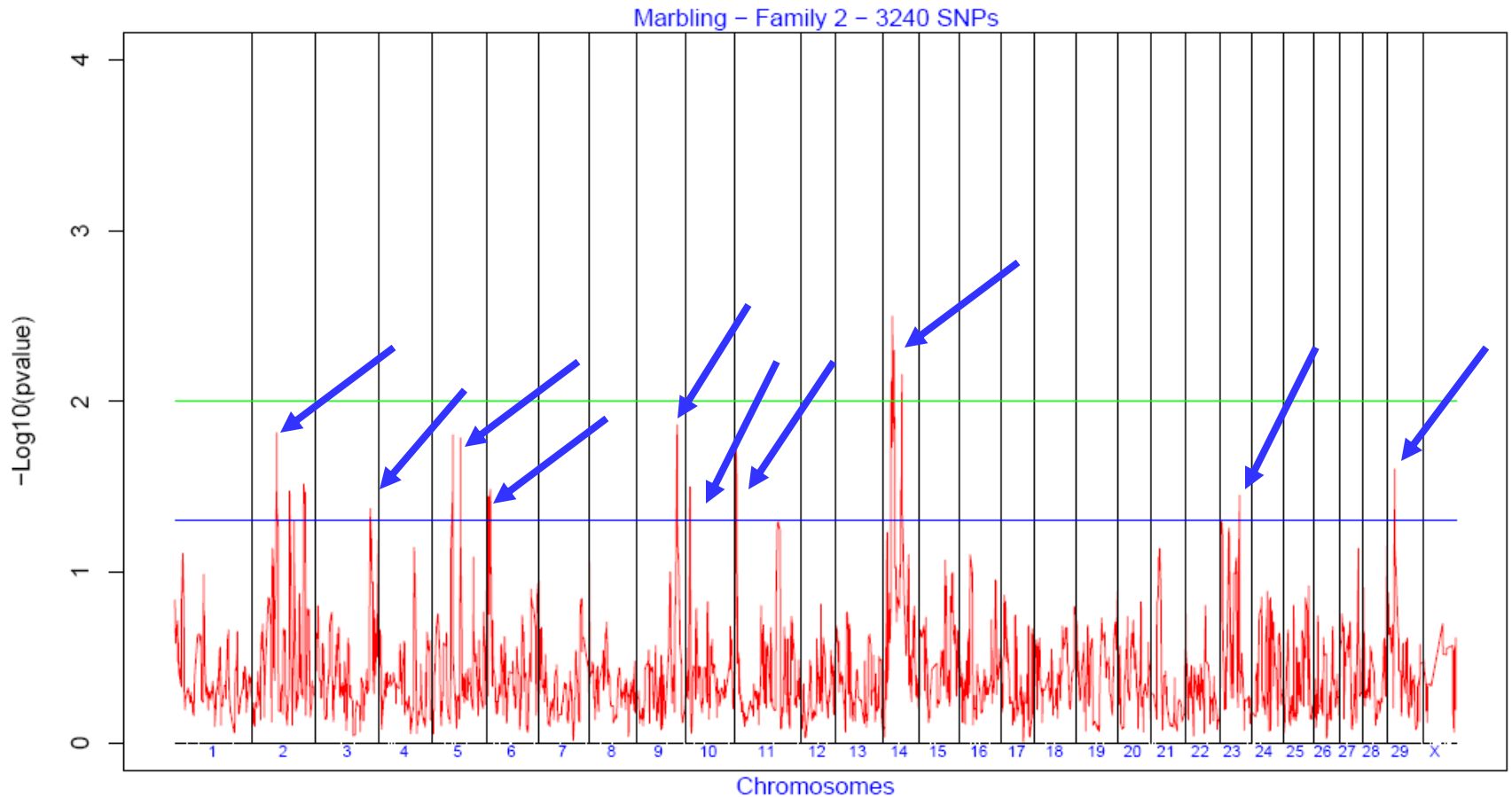
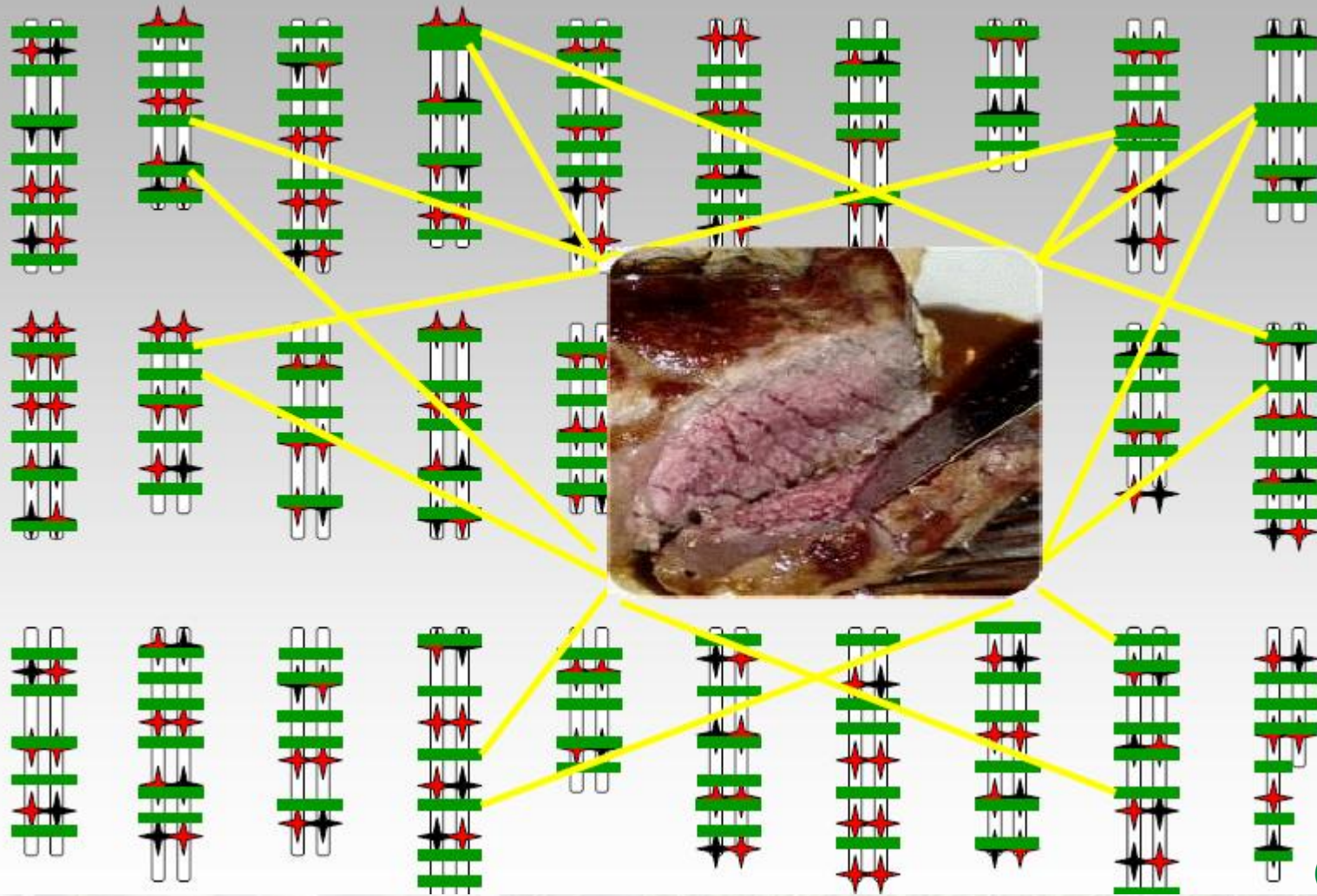


Figura. Varredura do genoma, usando o nível de significância de uma média móvel de cinco SNPs, para o marmoreio da carne na família de meio-irmãos paternos número 2.

Seleção Genômica



(Berry et al.)

Seleção Genômica

Potencial da Seleção Genômica em gado de corte

- Não aplicada em avaliações em programas de melhoramento até o momento

- Potencial de uso:



- eficiência alimentar
- qualidade de carne
- qualidade de carcaça
- resistência a doenças

A Validated Whole-Genome Association Study of Efficient Food Conversion in Cattle

W. Barendse,¹ A. Reverter, R. J. Bunch, B. E. Harrison,
W. Barris and M. B. Thomas

CSIRO Livestock Industries, Queensland Bioscience Precinct, St. Lucia 4067, Australia

Manuscript received February 26, 2007

Accepted for publication April 17, 2007

Genome-wide association study of growth in crossbred beef cattle^{1,2}

W. M. Snelling,^{*3} M. F. Allan,^{*4} J. W. Keele,^{*} L. A. Kuehn,^{*} T. McDanel,^{*}
T. P. L. Smith,^{*} T. S. Sonstegard,[†] R. M. Thallman,^{*} and G. L. Bennett^{*}

^{*}USDA, ARS, US Meat Animal Research Center, PO Box 166, Clay Center, NE 68933;
and [†]USDA, ARS, Bovine Functional Genomics Laboratory, 10300 Baltimore Avenue, Beltsville, MD 20705

ANIMAL GENETICS

Immunogenetics, Molecular Genetics
and Functional Genomics



doi:10.1111/j.1365-2052.2010.02088.x

Whole-genome association study for fatty acid composition of oleic acid in Japanese Black cattle

Y. Uemoto^{*}, T. Abe^{*}, N. Tameoka^{*}, H. Hasebe^{*}, K. Inoue^{*}, H. Nakajima[†], N. Shoji[†], M. Kobayashi[†]
and E. Kobayashi^{*}

^{*}National Livestock Breeding Center, Nishigo, Fukushima 961-8511, Japan. [†]Yamagata Prefectural Animal Industrial Institute, Agricultural Research Center, Shinjo, Yamagata 996-0041, Japan

Considerando a existência de dominância....

Linhagem paterna Linhagem materna

OO
MM
II
oo
tt



oo
mm
ii
OO
TT

maciez
marmoreio
sabor
colágeno
suculência

Produto

O o
T t
I i
M m
O o

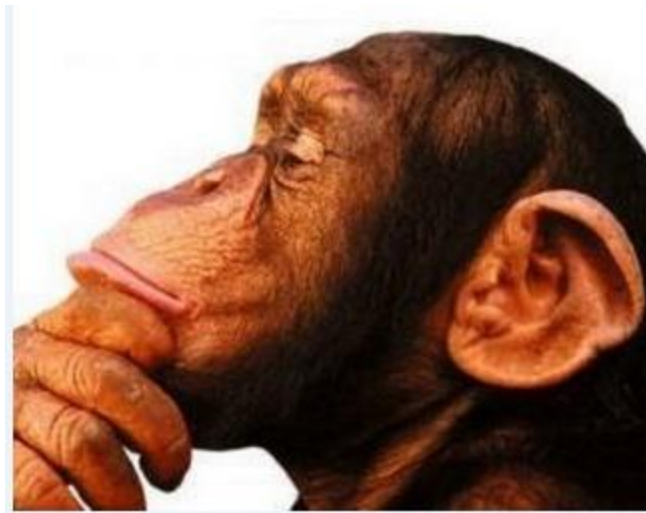


Cuidados a serem tomados

- Avaliação Independente**
- Populações variadas e representativas**
- Envolvimento de Associações de Criadores**
- Universidades e Centros de Pesquisa**
- Ampla divulgação dos Resultados**
- Orientação aos Usuários**



??? Questions ???



splinter@uems.br