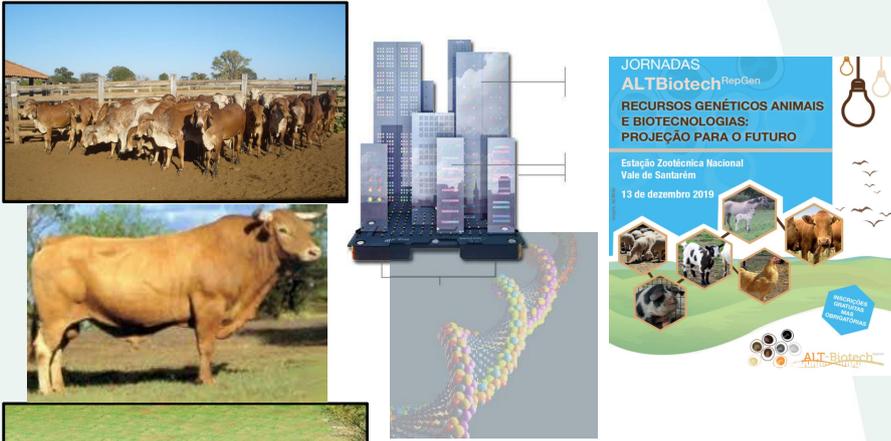




Seleção Genômica: Uma ferramenta fundamental



Marcos Vinicius Barbosa da Silva
Pesquisador em Bioinformática e Genômica
Embrapa Gado de Leite
Santarém, 13/12/2019



Pontos a serem abordados

- Marcadores moleculares em SelGen e GWAS
- Seleção Genômica nos EUA
- Seleção Genômica no Brasil
- Uso da genômica em espécies localmente adaptadas



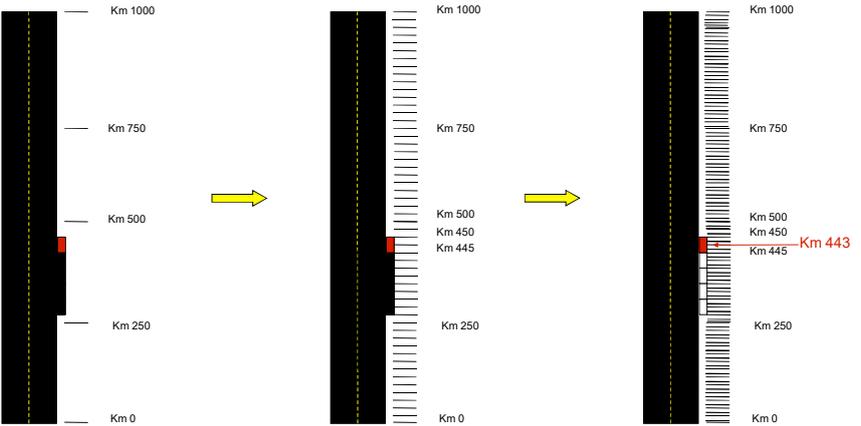
Marcadores Genéticos Moleculares



- ✓ Segmento de DNA com localização única no genoma e que varia suficientemente entre indivíduos
- ✓ Um marcador pode ou não ser parte de um gene



Marcadores Genéticos Moleculares



The diagram illustrates the process of marker discovery. It shows three vertical bars representing a genomic region from Km 0 to Km 1000. The first bar shows a single marker at approximately Km 445. The second bar shows a denser set of markers. The third bar shows a very dense set of markers, with a specific marker at Km 443 highlighted in red.



Marcadores Moleculares Usados

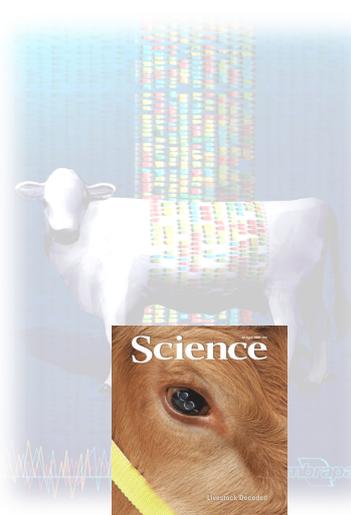
- Sistemas sanguíneos
- Polimorfismos Bioquímicos (Albumina, Amilase, Transferrina, Anidrase Carbônica)
- Restriction Fragment Length (RFLPs)
- Random Amplified Polymorphic DNA (RAPDs)
- Sequence Tagged Sites (STS)
- Amplified Fragment Length Polymorphisms (AFLPs)
- **Microssatélites (SSR)**

Alguns problemas:

- grande quantidade de DNA requerida (RFLP), reprodutibilidade (RAPDs) e custo por análise (RFLPs e AFLPs)



Genoma Bovino: Sequenciamento e Anotação



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

By the Taurus Cattle Genome Consortium

Science 2009, Vol. 326, No. 5962, pp. 1503-1511

Genome-Wide Survey of SNP Variation Uncovers the Genetic Structure of Cattle Breeds

By the Bovine SNP Consortium

Science 2009, Vol. 326, No. 5962, pp. 1503-1511

Enfim, os SNPs...

- Permitem que a herança seja seguida na região através das gerações
- Single nucleotide polymorphisms (SNiP) são os marcadores do futuro!
- Grande quantidade!
 - * 12 milhões no genoma!

Polimorfismo

"poly" = muitas "morph" = formas

População Geral

94%

↑

Single nucleotide polymorphism (SNP)

6%

Exemplo - Beta-caseína (Leite A2)

Diferença na posição 67 da cadeia de aminoácidos

A2 beta-casein: Val Tyr Pro Phe Pro Gly Pro Ile **Pro** Asn Ser Leu Pro
A1 beta-casein: Val Tyr Pro Phe Pro Gly Pro Ile **His** Asn Ser Leu Pro

Jornadas ALTBiotech RepGen – Recursos Genéticos Animais e Biotecnologias: Projeção para o Futuro
Estação Zootécnica Nacional/Fonte Boa, 13 de Dezembro de 2019

4

Desenvolvimento de ferramentas (chip de DNA)

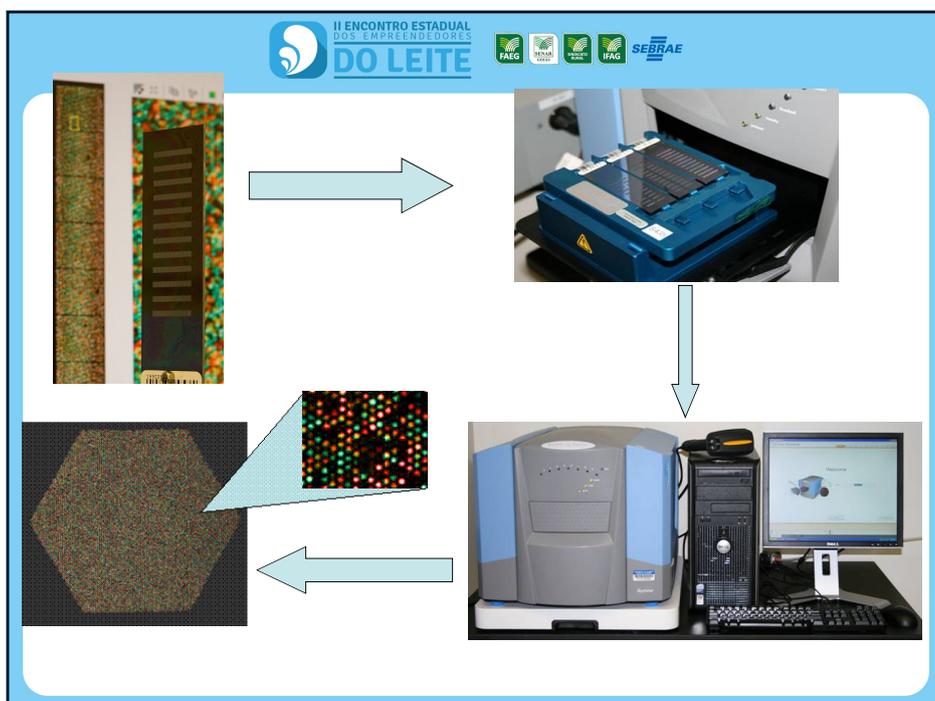
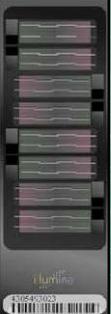


Disponibilidade de ferramentas para ir além da SAM:

- Affymetrix 10K chip
- Affymetrix 25K chip
- Illumina Bovine SNP50K chip
- Illumina High-Density Bovine BeadChip (777k)
- Affymetrix Axiom Genome-Wide BOS 1 Array (648k)

✓ Estudos de prospecção de genes de interesse:
Genome-wide Association Study (GWAS)

✓ Programas de avaliação e melhoramento: *Seleção Genômica*





Arquivo de Genótipos - SNP

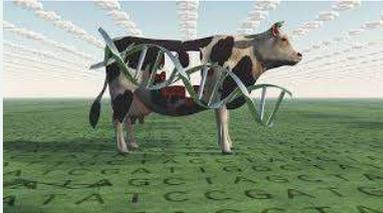
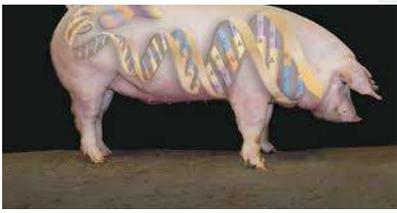
SNP Name	Sample ID	Allele1	Allele2
ARS-BFGL-BAC-10172	EP_1	C	C
ARS-BFGL-BAC-1020	EP_1	G	G
ARS-BFGL-BAC-10245	EP_1	T	A
ARS-BFGL-BAC-10345	EP_1	C	G
ARS-BFGL-BAC-10365	EP_1	-	-
ARS-BFGL-BAC-10375	EP_1	C	C
ARS-BFGL-BAC-10591	EP_1	A	A
ARS-BFGL-BAC-10793	EP_1	T	T
ARS-BFGL-BAC-10867	EP_1	A	A
ARS-BFGL-BAC-10919	EP_1	A	A

Specie	Project	Marker	Marker_Name	Chr	Pos	Null SNP	Marker	Marker_rec
bos	RGA	1	ARS-BFGL-BAC-10172	1	89880	0 SNP	1	SNP1
bos	RGA	2	ARS-BFGL-BAC-1020	1	125250	0 SNP	2	SNP2
bos	RGA	3	ARS-BFGL-BAC-10245	1	142958	0 SNP	3	SNP3
bos	RGA	4	ARS-BFGL-BAC-10345	1	366632	0 SNP	4	SNP4
bos	RGA	5	ARS-BFGL-BAC-10365	1	404485	0 SNP	5	SNP5
bos	RGA	6	ARS-BFGL-BAC-10375	1	451926	0 SNP	6	SNP6
bos	RGA	7	ARS-BFGL-BAC-10591	1	491429	0 SNP	7	SNP7
bos	RGA	8	ARS-BFGL-BAC-10793	1	532359	0 SNP	8	SNP8
bos	RGA	9	ARS-BFGL-BAC-10867	1	564268	0 SNP	9	SNP9
bos	RGA	10	ARS-BFGL-BAC-10919	1	604638	0 SNP	10	SNP10
bos	RGA	11	ARS-BFGL-BAC-10951	1	620481	0 SNP	11	SNP11
bos	RGA	12	ARS-BFGL-BAC-10952	1	657988	0 SNP	12	SNP12
bos	RGA	13	ARS-BFGL-BAC-10960	1	765801	0 SNP	13	SNP13



Nova ferramenta: Seleção Genômica

➤ A partir dessas informações, tornou-se possível implementar processos que possibilitem aumentar a velocidade de melhoramento genético das espécies de animais domésticos e de plantas, por meio, por exemplo, do uso da **seleção genômica!**

Seleção Genômica

Qual a importância de um único SNP? AAGCCTTGA TAATT
AAGCCTTGC TAATT

	Genótipo SNP	Média da característica	
	AA (2)	+20	
	AC (1)	+15	
	CC (0)	+10	

Efeito estimado "alelo" A = + 5

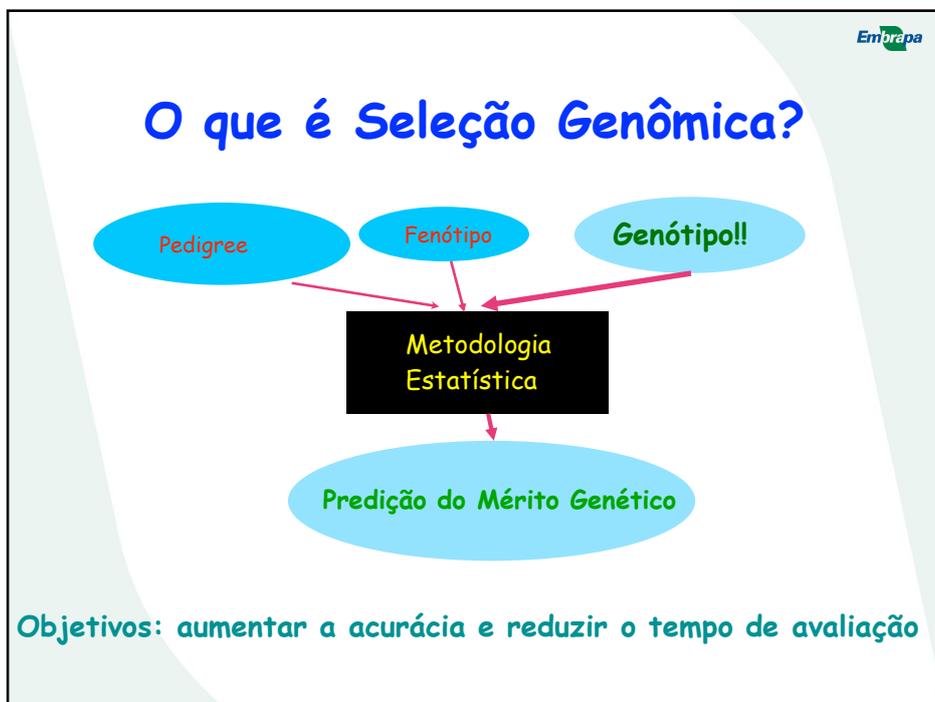
Regressão linear simples: a substituição do alelo C pelo A, aumenta em média, 5 unidades na característica de interesse

$$y = \beta_0 + \beta_1 x + e, x = \{0, 1, 2\}$$

Slide cedido por Prof. Fabiano Fonseca (UFV)

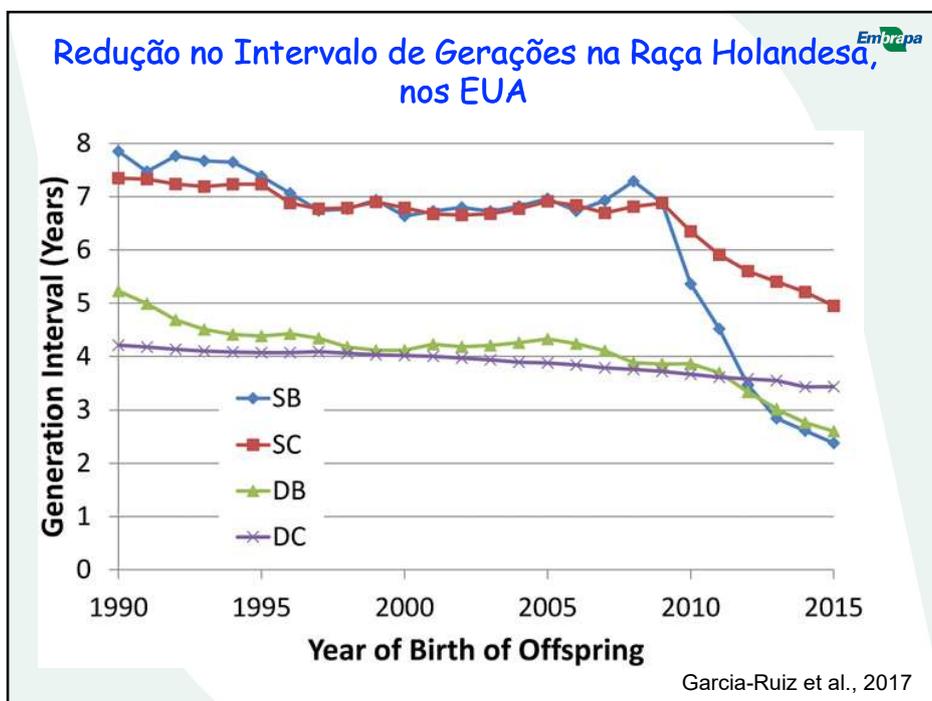
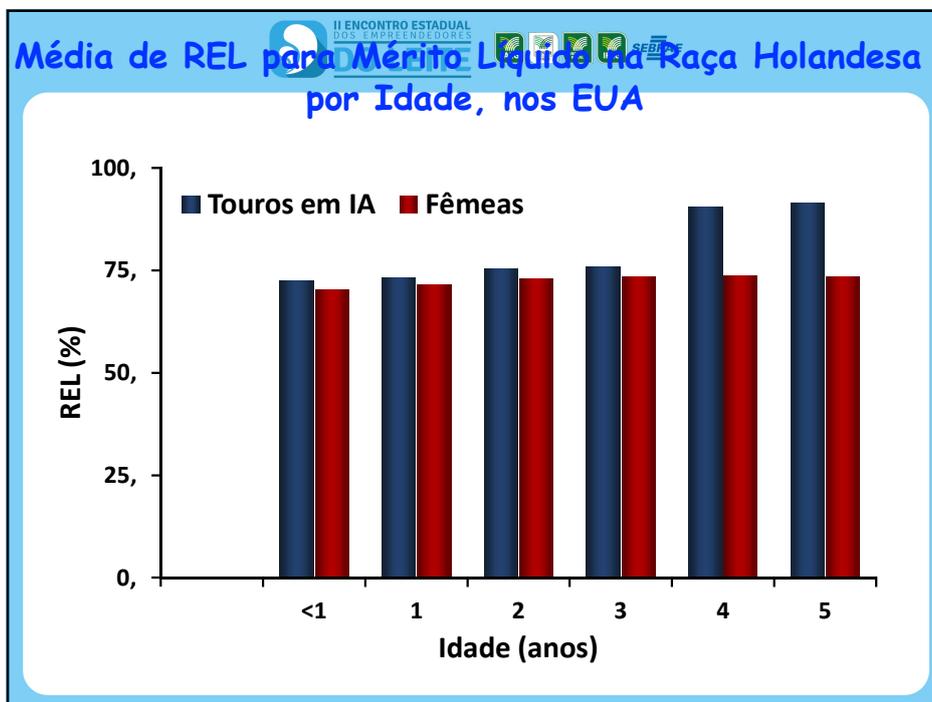
Avaliação Genômica

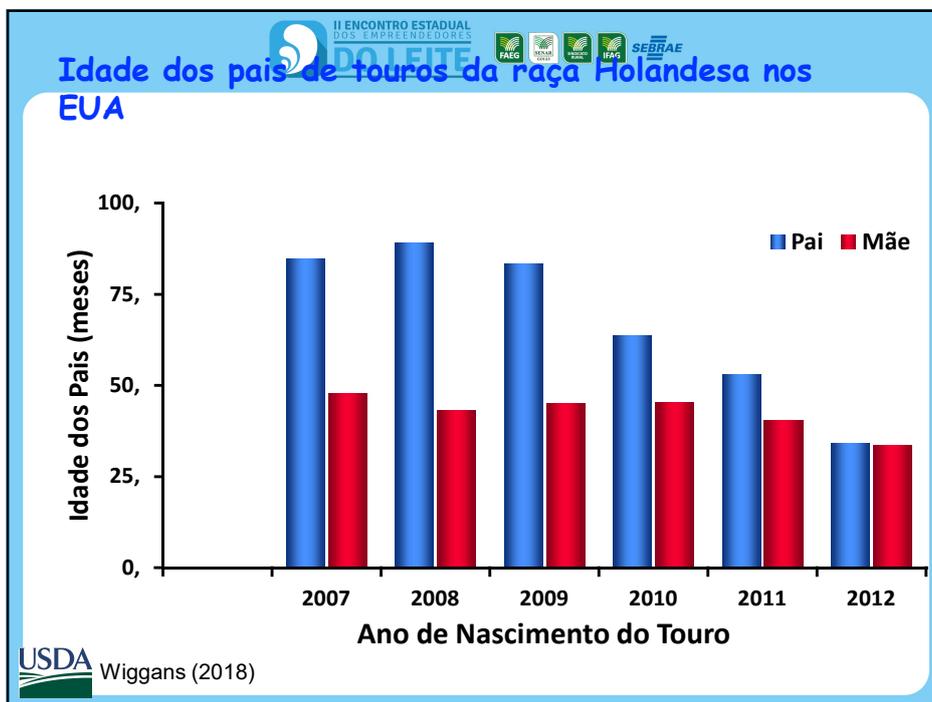
Irmãos completos	SNP1	SNP2	SNP3	SNP4	SNP5	Efeitos SNP	MP	GEBV
	-10	+10	+15	+20	+10	+45		
	+10	0	+15	+20	-20		+25	
	-10	0	-15	-20	-20		-65	



Seleção Genômica nos EUA

The slide features a large, blue-bordered rectangular box containing the text 'Seleção Genômica nos EUA' (Genomic Selection in the USA) in a blue, sans-serif font.





EMBRYO
 Reg: H0USA00023EVA5390 DOB: 01/26/2018
 RHA: %
 Charl x Jedi x Kingboy

08/2018 CDCS SUMMARY - GENOMICCDW				NMS +1116
Milk	+1417	-74%R	Fluid Ment \$	+1025
Fat	+118	+0.23%	Cheese Ment \$	+1161
Protein	+65	+0.08%	Grazing Merit \$	+1086
SCS	2.62	%R	F Effic. +241	Fert. Index +4.2
PL	+8.4	%R	Livability +2.9	63% Rel
DPR	+4.1	%R	EPI %	gEPI 9.4%
HCR	+2.8			
CCR	+5.9		0 Dtrs 0 Herds % US	

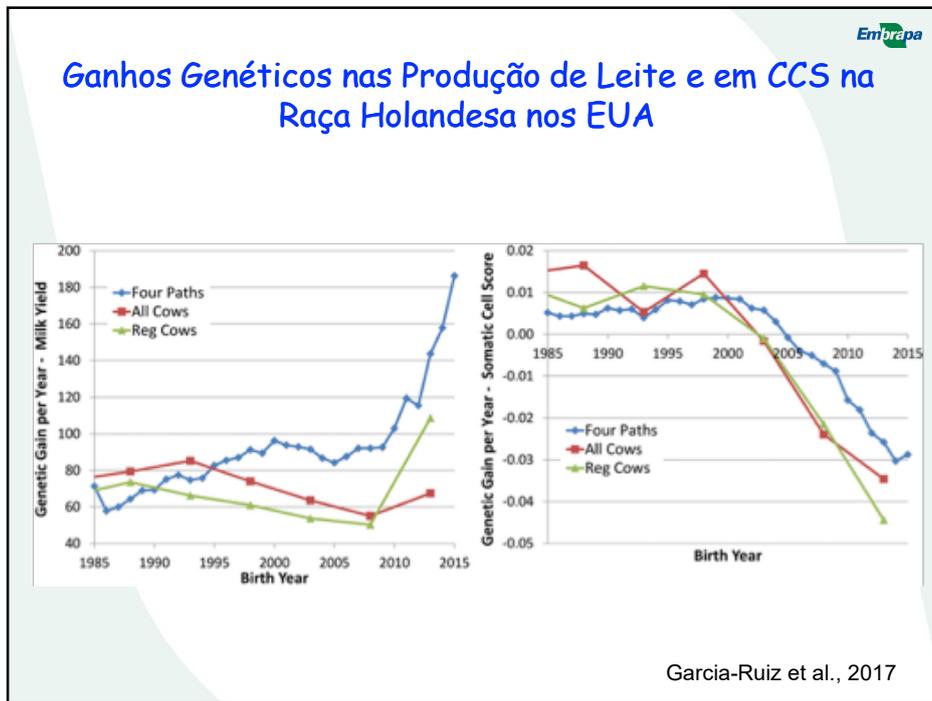
08/2018 CALVING SUMMARY				SCE 6.8 %
Sire Calving Ease	6.8%	%R	Obs	
Daughter Calving Ease	3.3%	%R	N/A Obs	
Sire Stillbirth	6.6%	%R	Obs	
Daughter Stillbirth	3.7%	%R	N/A Obs	

08/2018 SHA TYPE SUMMARY				TPI +3012		
PTAT	+1.93	72%R	UDC+1.99	FLC+0.93	BSC+1.07	0 D / 0 H
Stature	+1.14	Tall				
Strength	+0.99	Strong				
Body Depth	+0.73	Deep				
Dairy Form	+0.91	Open Rib				
Rump Angle	+0.21	Sloped				
Thurl Width	+1.40	Wide				
Rear Legs Side View	-0.79	Posty				
Rear Legs Rear View	+0.97	Straight				
Foot Angle	+1.08	Steep				
Feet & Legs Score	+1.09	High				
Fore Udder	+2.62	Strong				
Attachment	+2.57	High				
Rear Udder Height	+2.36	Wide				
Rear Udder Width	+0.72	Strong				
Udder Cleft	+1.84	Shallow				
Udder Depth	+1.43	Close				
Front Teat Placement	+1.15	Close				
Rear Teat Placement	-0.39	Short				
Teat Length						

Sire: Hurtgenlea Richard Charl-ET
 Dam: St Gen 76492-ET
 MGS: S-S1 Montross Jedi-ET
 MGD: Morsan Kingboy Amanda 2486-ET VG-85
 MGSS: Morningview Mcc Kingboy-ET
 MGGD: Ms Farnearth Uno Amanda-ET

ADUAL
 DORES
 TE

GENOMIC HELFERS
Understanding who is on top



Seleção Genômica em Raças Leiteiras no Brasil

Embrapa

- Projeto iniciado em 2010

✓ Financiamento: Embrapa, CNPq e Fapemig = 1,6 Milhão

- Objetivos:

✓ Implementar a seleção genômica nas raças Gir Leiteiro e Girolando de modo a potencializar os resultados do TP;

✓ Identificar genes associados às características de importância econômica.



Material e Recursos Disponíveis

Embrapa

✓ Genótipos e fenótipos:

* Raça Gir: 14.600 animais

- 1.700 animais genotipados com Bovine SNP 50K chip
- 600 animais genotipados Illumina HD (777K)
- 12.300 animais genotipados com GGP-Indicus (30K)

* Raça Girolando: 11.400 animais

- 1.100 animais da raça Girolando (50K)
- 600 touros da raça Gir Leiteiro (777K)
- 7.500 animais da raça Girolando (Z5M)
- 2.200 animais da raça Holandesa (777K)

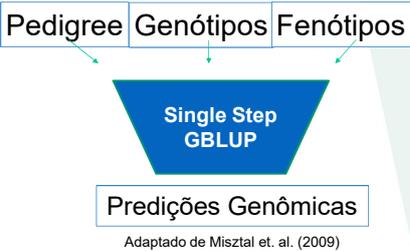


Avaliação Genômica usando ssGBLUP

Procedimentos Computacionais

Single Step GBLUP

- Simple e mais eficiente método para incorporar os genótipos na avaliação genética;
- Largamente utilizado na avaliação genômica de várias espécies domésticas;
- Considera as informações de pedigree, de fenótipo e de genótipo simultaneamente;



Adaptado de Misztal et. al. (2009)

Misztal, I., A. Legarra, I Aguilar. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J. of Dairy Sci.* 92:4648-4655.

25



Aplicação da Seleção Genômica na Raça Gir Leiteiro - Resultados



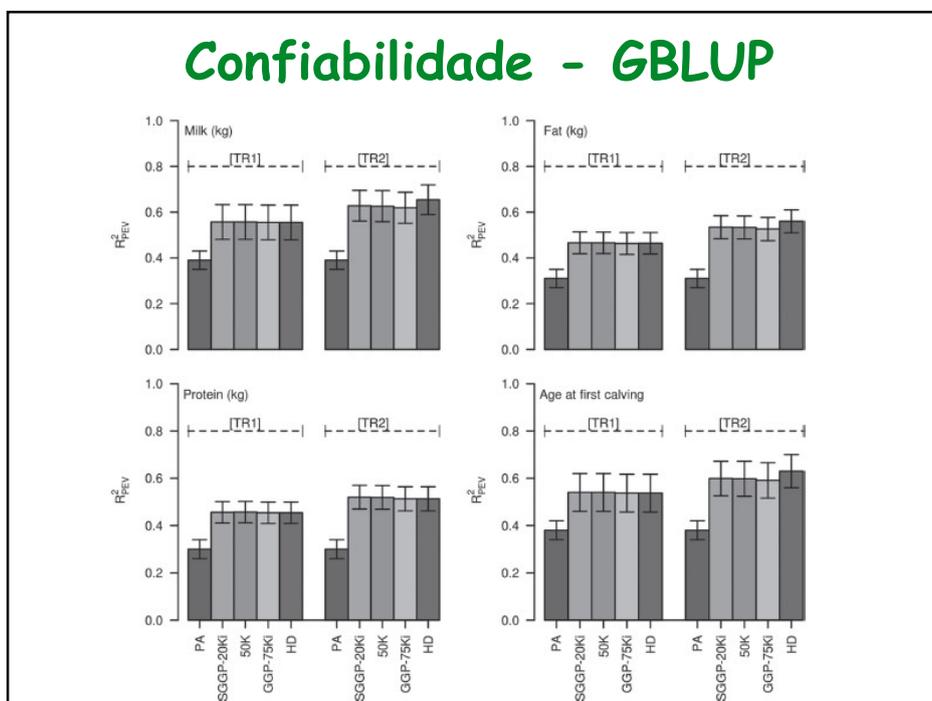


Confiabilidades



Característica	Confiabilidade		
	Tradicional	Genômica	Gen-Trad
	PA		Ganho
Leite	38	63	25
Gordura	35	57	22
Proteína	35	55	20
Idade ao Primeiro Parto	38	62	24

Fonte: Boison et al. (2017)



 J. Dairy Sci. TBC:1–12
<https://doi.org/10.3168/jds.2016-11811>
© American Dairy Science Association®, TBC. JDS11811

Accuracy of genomic predictions in Gyr (*Bos indicus*) dairy cattle

S. A. Boison,* A. T. H. Utsunomiya,† D. J. A. Santos,† H. H. R. Neves,†† R. Carneiro,† G. Mészáros,* Y. T. Utsunomiya,† A. S. do Carmo,§ R. S. Verneque,§ M. A. Machado,§ J. C. C. Panetto,§ J. F. Garcia,# J. Sölkner,* and M. V. G. B. da Silva§¹

*Department of Sustainable Agricultural Systems, University of Natural Resources and Life Sciences, 1180, Vienna, Austria
†Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal, SP, 14884-900, Brazil
‡GenSys Consultores Associados S/C Ltda, Porto Alegre, Brazil
§Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, 360381330, Brazil
#Faculdade de Medicina Veterinária de Araçatuba, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Araçatuba, SP, 16015-050, Brazil



 J. Dairy Sci. 98:4969–4989
<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2014-9213>
© 2015, THE AUTHORS. Published by FASS and Elsevier Inc. on behalf of the American Dairy Science Association®. Open access under CC BY-NC-ND license

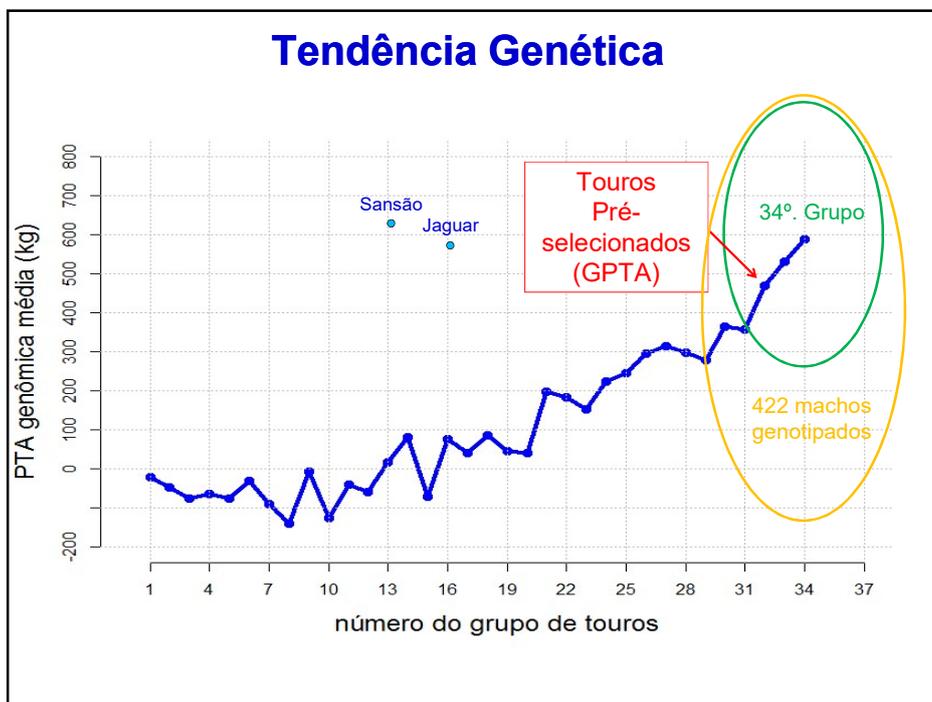
Strategies for single nucleotide polymorphism (SNP) genotyping to enhance genotype imputation in Gyr (*Bos indicus*) dairy cattle: Comparison of commercially available SNP chips

S. A. Boison,*¹ D. J. A. Santos,† A. H. T. Utsunomiya,† R. Carneiro,† H. H. R. Neves,† A. M. Perez O'Brien,* J. F. Garcia,‡ J. Sölkner,* and M. V. G. B. da Silva§

*University of Natural Resources and Life Sciences, Department of Sustainable Agricultural Systems, Gregor-Mendel 33, A-1180, Vienna, Austria
†Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista (UNESP), SP, 148841900, Brazil
‡Faculdade de Medicina Veterinária de Araçatuba, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Araçatuba, SP, 16015-050, Brazil
§Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, 36038-330, Brazil

Sumários de Touros e de Vacas





Identificação de famílias e de indivíduos portadores de anomalias

Lábio leporino

Anoftalmia e exoftalmia

Ausência de cauda

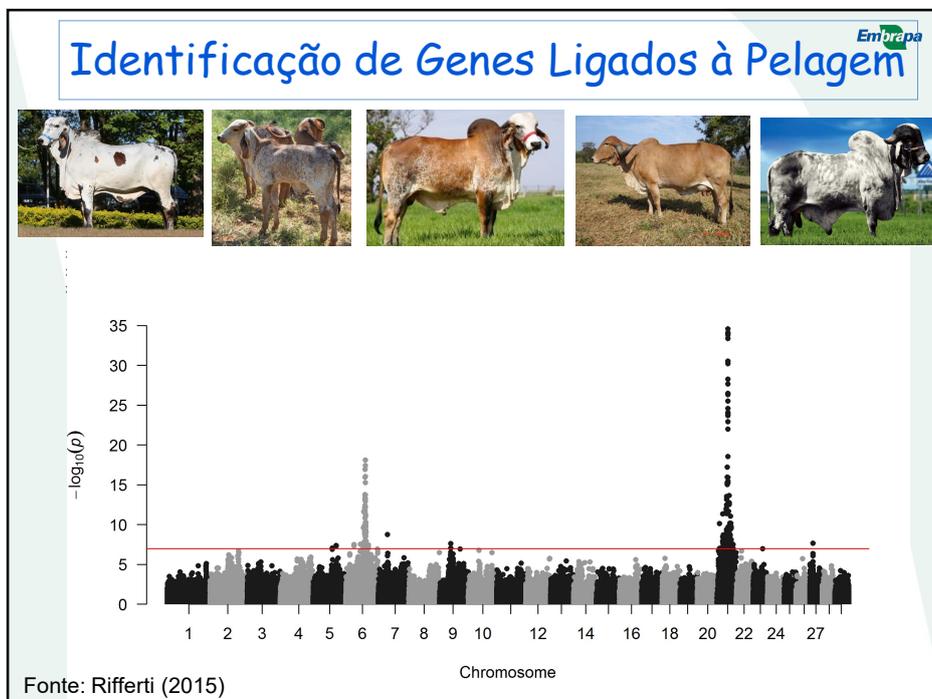
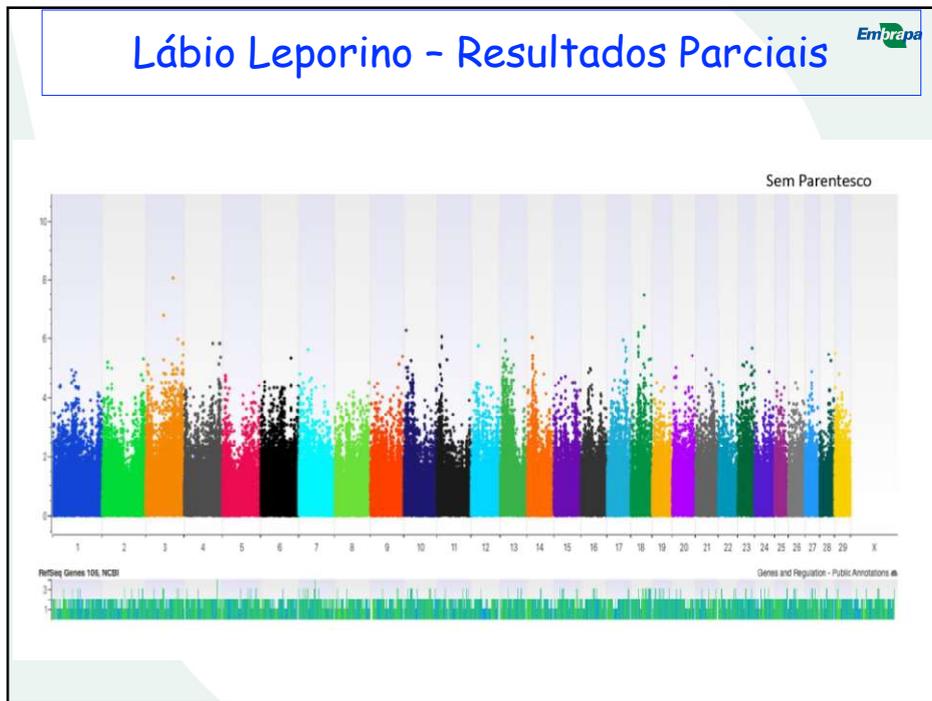
Hipo/Hiperplasia gonadal

Hérnias umbilical e inguinal

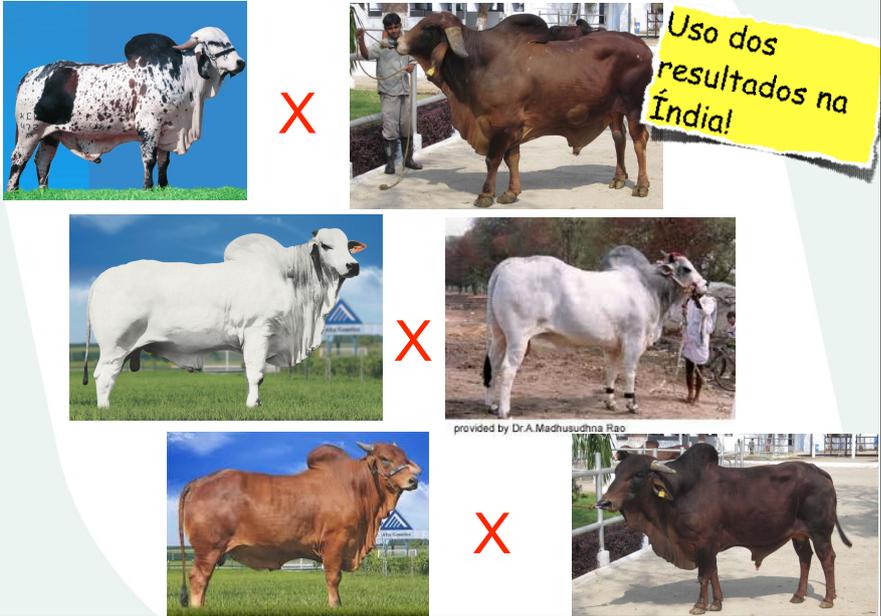
Agnatismo e prognatismo

Encurtamento de tendão

Embrapa



Comparação das Linhagens Brasileiras e Asiáticas



Uso dos resultados na Índia!

provided by Dr. A. Madhusudhna Rao



Estudo da viabilidade da técnica de biópsia embrionária e genotipagem visando a seleção genômica e diagnóstico de anomalias cromossômicas em sistemas de produção in vitro de embriões bovinos

**Projeto SEG/EMBRAPA
03.13.05.004.00.00
Coordenador: Luiz Sérgio Camargo**

Aplicação da Seleção Genômica na Raça Girolando - Resultados

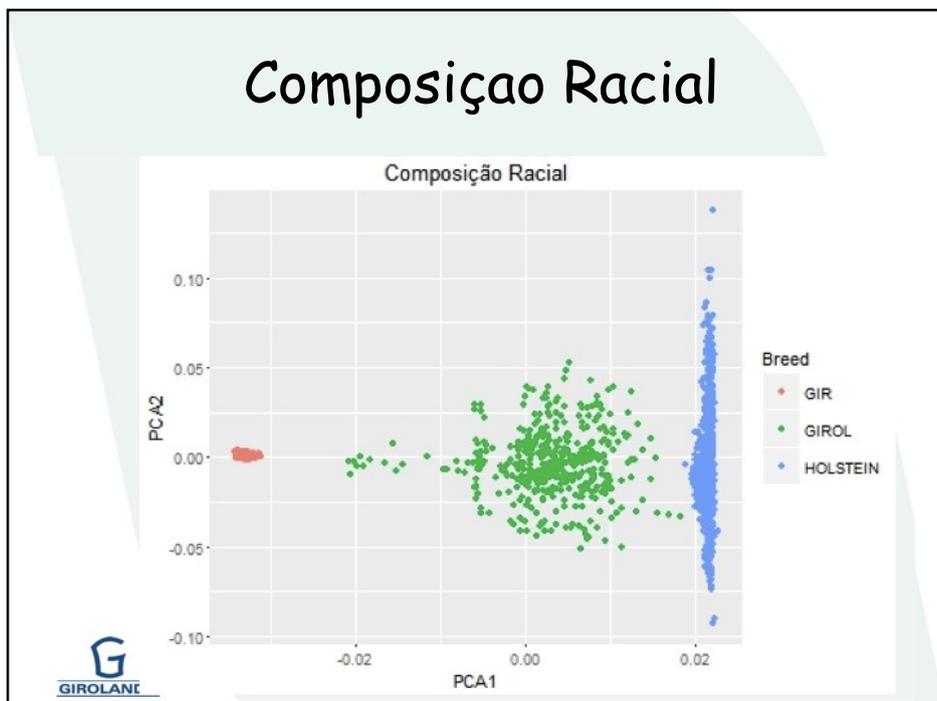


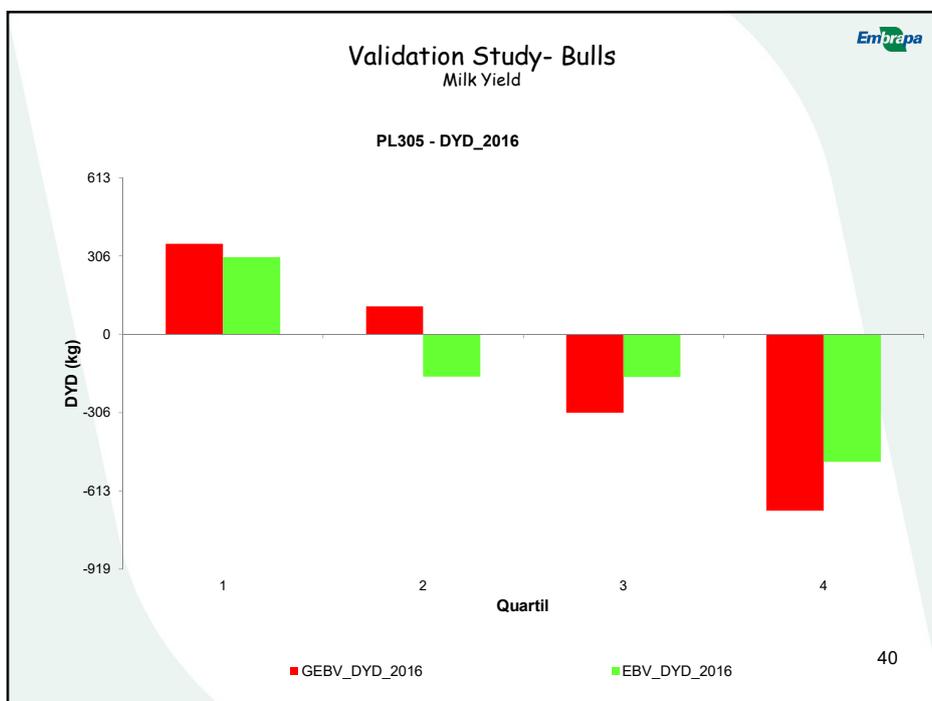
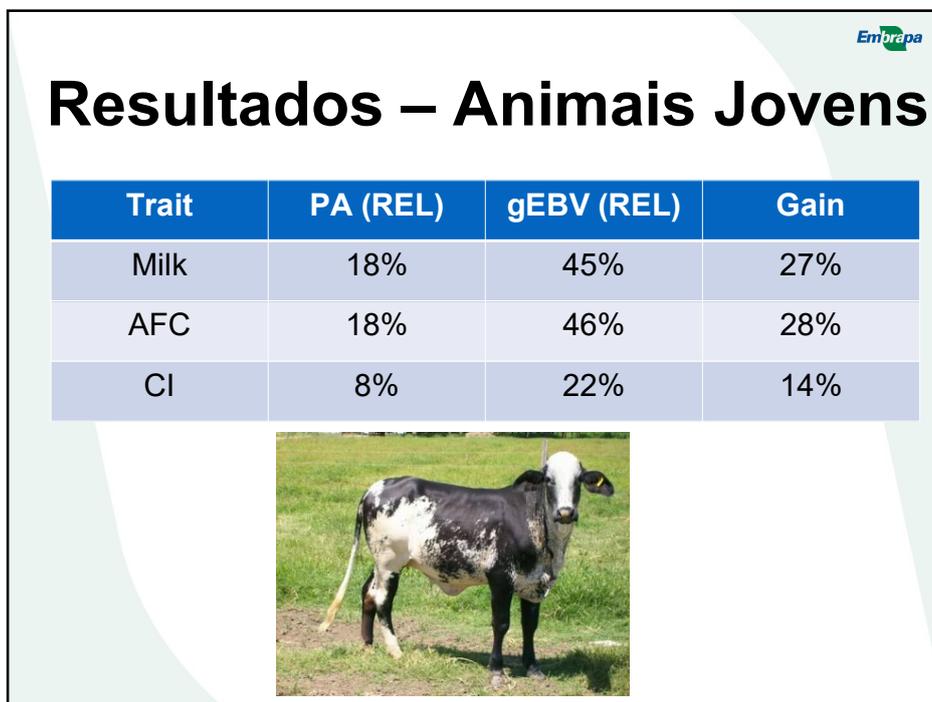
CRV Lagoa

Embrapa
Gado de Leite

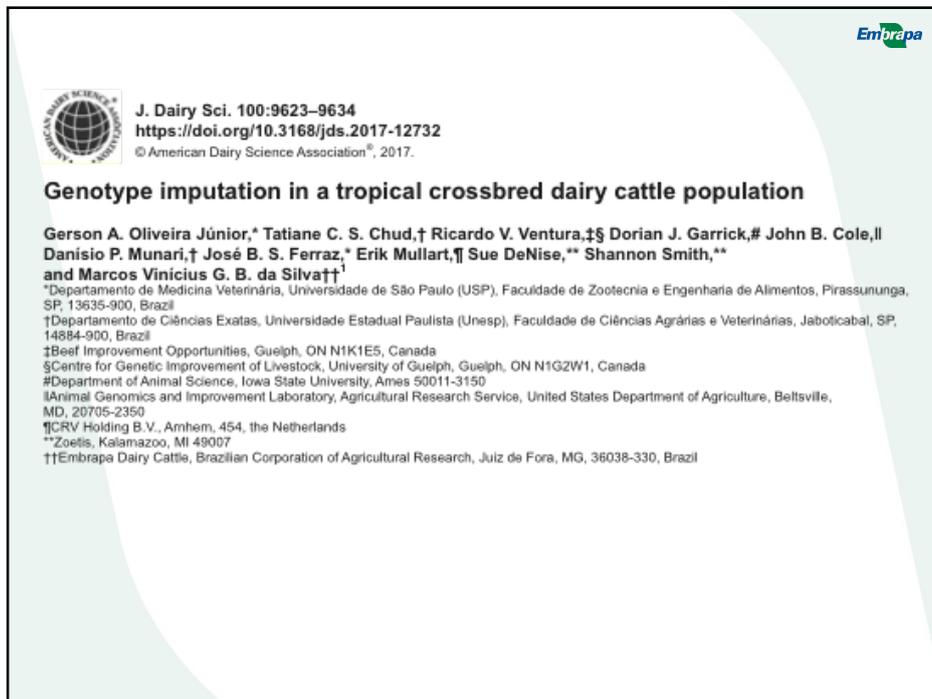
GIROLANDO
Associação Brasileira dos Criadores de Girolando

zoetis





Seleção Genômica: uma ferramenta fundamental
Marcos Vinicius Silva

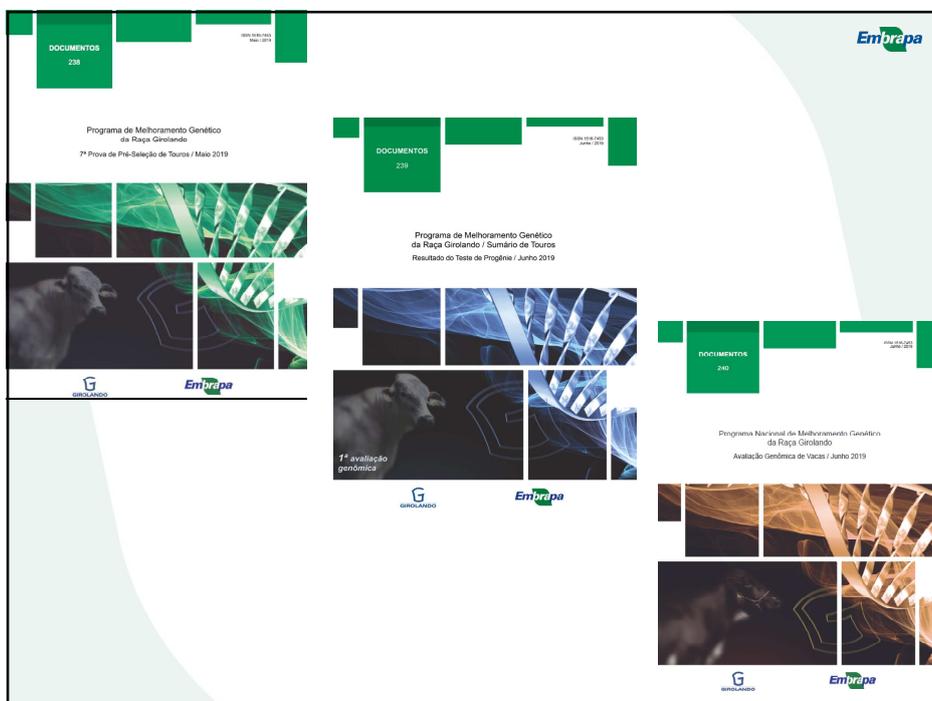


J. Dairy Sci. 100:9623–9634
<https://doi.org/10.3168/jds.2017-12732>
© American Dairy Science Association®, 2017.

Genotype imputation in a tropical crossbred dairy cattle population

Gerson A. Oliveira Júnior,^{*} Tatiane C. S. Chud,[†] Ricardo V. Ventura,^{‡§} Dorian J. Garrick,[#] John B. Cole,^{||} Danisio P. Munari,[†] José B. S. Ferraz,^{*} Erik Mullart,[¶] Sue DeNise,^{} Shannon Smith,^{**} and Marcos Vinicius G. B. da Silva^{††1}**

^{*}Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo (USP), Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Pirassununga, SP, 13635-900, Brazil
[†]Departamento de Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, 14884-900, Brazil
[‡]Beef Improvement Opportunities, Guelph, ON N1K1E5, Canada
[§]Centre for Genetic Improvement of Livestock, University of Guelph, Guelph, ON N1G2W1, Canada
[#]Department of Animal Science, Iowa State University, Ames 50011-3150
^{||}Animal Genomics and Improvement Laboratory, Agricultural Research Service, United States Department of Agriculture, Beltsville, MD, 20705-2350
[¶]CRV Holding B.V., Arnhem, 454, the Netherlands
^{**}Zoetis, Kalamazoo, MI 49007
^{††}Embrapa Dairy Cattle, Brazilian Corporation of Agricultural Research, Juiz de Fora, MG, 36038-330, Brazil

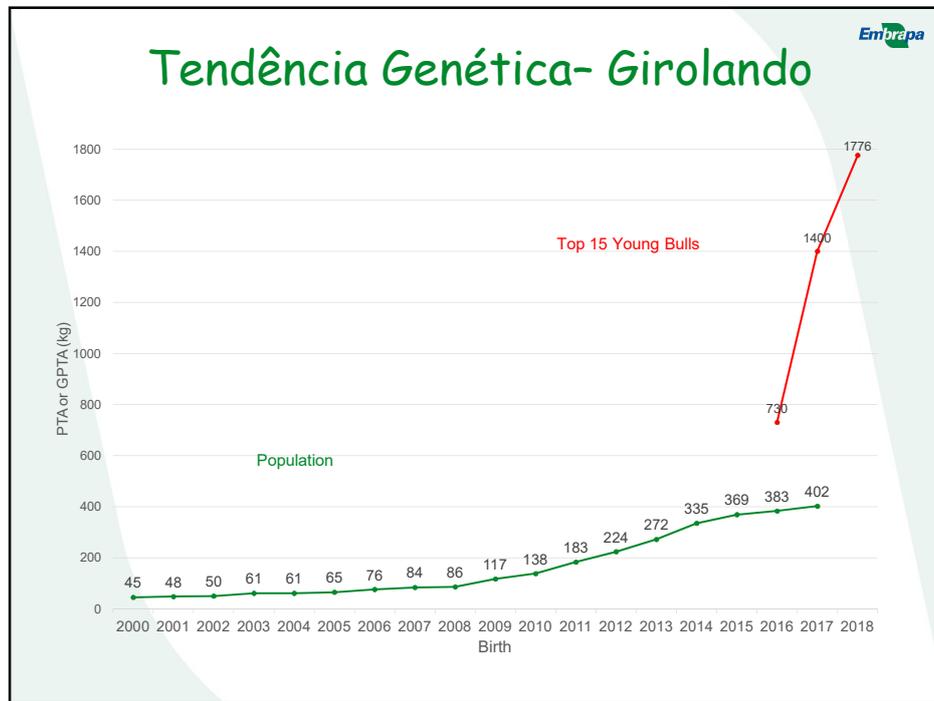


DOCUMENTOS 238
Programa de Melhoramento Genético da Raça Giralandos
7ª Prova de Pré-Seleção de Touro / Maio 2019

DOCUMENTOS 239
Programa de Melhoramento Genético da Raça Giralandos / Sumário de Touro
Resultado do Teste de Progênie / Junho 2019

DOCUMENTOS 240
Programa Nacional de Melhoramento Genético da Raça Giralandos
Avaliação Genética de Vacas / Junho 2019

1ª avaliação genômica



Avaliação Genômica Multirracial

J. Dairy Sci. 102:464–475
<https://doi.org/10.3168/jds.2017-14321>
 ©American Dairy Science Association[®], 2019.

Multiple trait and random regression models using linear splines for genetic evaluation of multiple breed populations

V. M. P. Ribeiro,¹ F. S. S. Raidan,² A. R. Barbosa,¹ M. V. G. B. Silva,³ F. F. Cardoso,⁴ and F. L. B. Toral⁴
¹Departamento de Zootecnia, Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG 31270-901, Brazil
²CSIRO Agriculture & Food, Brisbane, QLD 4007, Australia
³Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, 36038-330, Brazil
⁴Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, 96401-970, Brazil

Revista Brasileira de Zootecnia
 © 2016 Sociedade Brasileira de Zootecnia
 ISSN 1906-9230
www.sbz.org.br

R. Bras. Zootec., 45(4):195-202, 2016

Invited Review

Genomic selection in multi-breed dairy cattle populations

John Bruce Cole¹, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva²

¹United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service, Animal Genomics and Improvement Laboratory, Beltsville, Maryland, USA.
²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brazil.

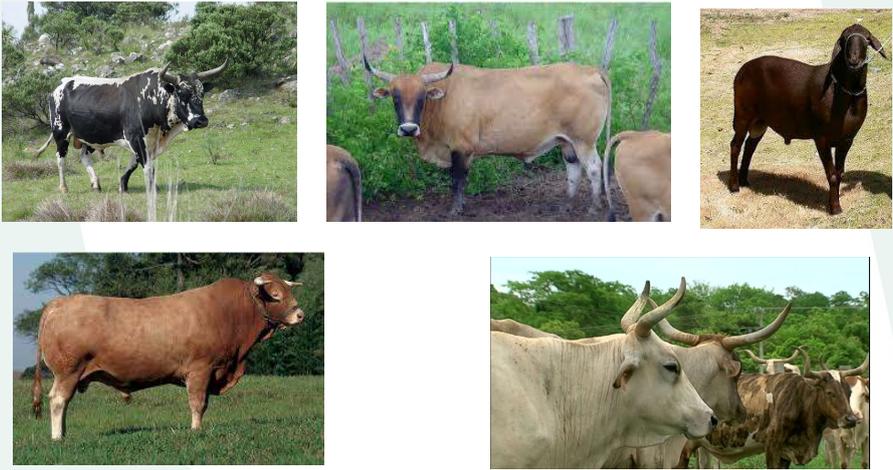
Genetic analysis of productive and reproductive traits in multiple-breed dairy cattle populations

Virginia Mara Pereira Ribeiro¹, Fernanda Albuquerque Meiro², Gabriela Canabrava Gouveia¹, Larissa Krull Winkelstroter³, Lúcia Rodrigues Alves Abreu⁴, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva⁵, João Cláudio do Carmo Parvato⁶, Leandro de Carvalho Faiva⁷, Marcello de Aguiar Rodrigues Cembraneli⁸ and Fabio Luiz Buranelo Toral⁹

¹Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária, Departamento de Zootecnia, Avenida Antônio Carlos, nº 6.627, Caixa Postal 567, Campus Pampulha, CEP 31270-901 Belo Horizonte, MG, Brazil. E-mail: virginiamara10@gmail.com, gabriela.gouveia@ufmg.br, fernandameiro@ufmg.br, luciaabreu@zootecnia.com.br, mbarcelo@ufmg.br, ²Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, Praça Vicentino Rodrigues da Cunha, nº 110, Parque Fernando Costa, CEP 38022-330 Uberaba, MG, Brazil. E-mail: fernandameiro@abz.org.br ³Embrapa Gado de Leite, Rua Eugênio do Nascimento, nº 610, Dom Bosco, CEP 36038-330 Juiz de Fora, MG, Brazil. E-mail: marcos.v.silva@embrapa.br, joaocarmo@embrapa.br ⁴Associação Brasileira dos Criadores de Girolando, Rua Orlando Vieira do Nascimento, nº 74, CEP 38040-280 Uberaba, MG, Brazil. E-mail: sup.tecnico@girolando.com.br, membraneli@girolando.com.br



De que modo a genômica pode ser usada para as espécies/raças localmente adaptadas?



Sequenciamento de Todo o Genoma em Bovinos

Sequenciamento de pelo menos 12 animais/raça => 320 animais

Recursos:US\$ 300,000.00

	Leite	Duplo Propósito	Carne
Taurinas	Holandesa	Fleckvieh	Angus / Hereford
Zebuínas	Gir	Sindi	Nelore
Zebuínas Asiáticas	Gir	Red Sindhi	Ongole
Bras. Local. Adapt.	Caracu Caldeano	Crioulo Lageano	Pantaneiro
Africanas	N'Dama	Ankole	South African Nguni

SNP Identification (zebu specific)



RESEARCH ARTICLE

Single nucleotide variants and InDels identified from whole-genome re-sequencing of Guzerat, Gyr, Girolando and Holstein cattle breeds

Nedenia Bonvino Stafuzza^{1*}, Adhemar Zerlotini^{2*}, Francisco Pereira Lobo², Michel Eduardo Beza Yamagishi², Tatiane Cristina Seleguim Chud¹, Alexandre Rodrigues Caetano³, Danisio Prado Munari¹, Dorian J. Garrick⁴, Marco Antonio Machado⁵, Marta Fonseca Martins⁵, Maria Raquel Carvalho⁶, John Bruce Cole⁷, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva^{3*}

 Check for updates

1 Departamento de Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, São Paulo, Brazil, 2 Embrapa Informática Agropecuária, Campinas, São Paulo, Brazil, 3 Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brazil, 4 Department of Animal Science, Iowa State University, Ames, Iowa, United States of America, 5 Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brazil, 6 Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 7 United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service, Animal Genomics and Improvement Laboratory, Beltsville, Maryland, United States of America

 **J. Dairy Sci.** 97:5508–5520
<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2014-8087>
© American Dairy Science Association[®], 2014. Open access under [CC BY-NC-ND license](#).

The *SLICK* hair locus derived from Senepol cattle confers thermotolerance to intensively managed lactating Holstein cows

S. Dikmen,* F. A. Khan,†¹ H. J. Huson,‡² T. S. Sonstegard,‡ J. I. Moss,† G. E. Dahl,† and P. J. Hansen†³

*University of Uludag, Faculty of Veterinary Medicine, Department of Animal Science, Bursa 16059, Turkey
†University of Florida, Department of Animal Sciences, Gainesville 32611-0910
‡USDA, Agricultural Research Service, Animal Genomics and Improvement Laboratory, Beltsville, MD 20705-2350

- **Slick hair gene** (ou **gene do pelo liso** - Chr 20), descrito pela primeira vez em gado
- Senepol
- Na Venezuela, vacas 3/4 Holandês 1/4 Carora (com pelagem slick hair) apresentaram temperaturas corporais inferiores em comparação às vacas com pelagem do tipo selvagem (38,58° C < 39,09 ° C) e produziram mais leite (6389 kg > 5579 kg, 305-d Olson et al., 2003);

- Aparentemente, a maior capacidade termorregulatória associada ao fenótipo slick resulta
- da maior perda de calor por convecção e condução e à menor absorção da radiação solar.



Sequenciamento de Nova Geração para Identificação de Variantes em Raças Brasileiras Localmente Adaptadas

- No Brasil, foram sequenciados 12 animais da raça Caracu e identificado o alelo slick na frequência de 75%;
- Para validação, estão sendo genotipados mais de 2.000 animais (linhagens de leite e de corte)



GLTCR1: T/T GLTCR10: T/T

GLTCR2: C/T GLTCR15: C/C

GLTCR3: T/T GLTCR19: T/T

GLTCR4: C/T GLTCR33: T/T

GLTCR5: C/T GLTCR46: T/T

T: Slick variant, frequency= 0.75

C: Reference, frequency = 0.25



Sequenciamento de Nova Geração para Identificação de Variantes em Raças Brasileiras Localmente Adaptadas

Raça	T (Slick)	C (Wild Type)
Crioulo Lageano 	16%	84%
Mocho Nacional 	57%	43%
Pantaneiro 	41%	59%

Será que o alelo Slick está segregando nas raças portuguesas?



Arouquesa



Mirandesa



Minhota



Alentejana

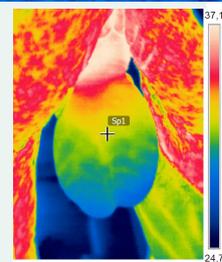
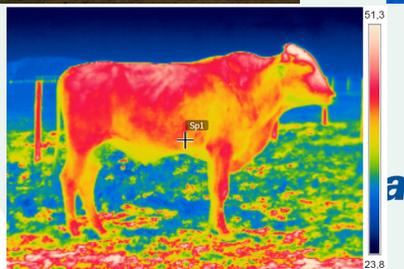
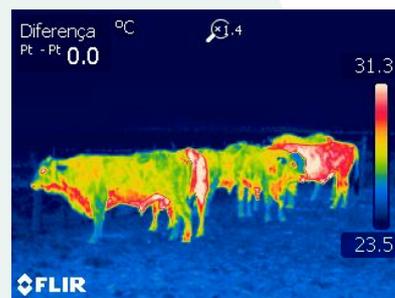
<https://anidop.iniav.pt>



Mertolenga

<https://anidop.iniav.pt>

Estudos de Termotolerância Envolvendo Slick ou Diferentes Composições Raciais



Contents lists available at ScienceDirect
Journal of Thermal Biology
 journal homepage: www.elsevier.com/locate/jtherbio

Reproductive characteristics of bulls from two breed compositions and their correlations with infrared thermography

Vanessa Amorim Teixeira^a, Sandra Gesteira Coelho^a, Thierry Ribeiro Tomich^{b,c,*}, João Paulo Pacheco Rodrigues^c, Mariana Magalhães Campos^b, Fernanda Samarini Machado^b, Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva^a, Gabriel Augusto Monteiro^d, Luiz Gustavo Ribeiro Pereira^b

^a Department of Animal Science, Federal University of Minas Gerais, Minas Gerais, 30161-970, Brazil
^b Embrapa Dairy Cattle, Minas Gerais, 36038-330, Brazil
^c Institute of Studies of the Humid Tropic, Federal University of the South and Southeast of Pará, 68557-335, Brazil
^d Department of Veterinary Clinic and Surgery, Federal University of Minas Gerais, Minas Gerais, 30161-970, Brazil

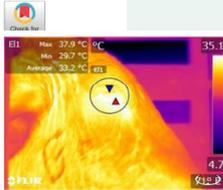


Fig. 1. Thermographic image of ocular area.

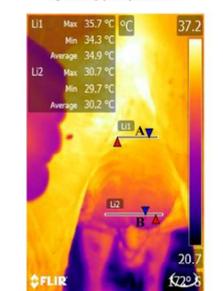
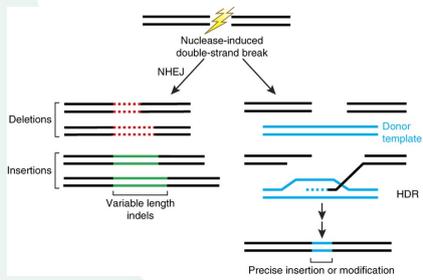


Fig. 2. Thermographic image of scrotal area. (A) - L1 (line 1 representing 8 dorsal vertebra) and (B) - L2 (line 2 representing the ventral scrotum).

Edição do genoma (Genome editing)

- Maior precisão para modificar o genoma
 - Nuclease quebra a fita dupla de DNA em lugar pré-determinado (direcionado por um RNA guia)
 - Quebra pode ser reparada por homologia direta (HDR) onde uma parte da fita de DNA é substituída por uma sequência desejada (pode ser mudança em um único nucleotídeo)



nature
biotechnology

CRISPR-Cas systems for editing, regulating and targeting genomes

Jeffrey D Sander^{1,2} & J Keith Joung^{1,2}

Embrapa

Edição do genoma para ausência do chifres em gado de leite

- Sequência do gene mocho (Polled) de raças de corte mochas para raças de leite

A

Efficient nonmeiotic allele introgression in livestock using custom endonucleases

Wenfang Guo^{1,2,3}, Daniel J. Carlson^{1,2}, Cheryl A. Lenz¹, John R. Gault¹, Dennis A. Webster¹, Perry B. Hackett^{1,2}, and Scott C. Fabrezyg^{1,2,3}

¹Department of Animal Science, University of Missouri, Saint Paul, MO 65288; ²Center for Genome Engineering, Research and Innovation Support Center, Program in Molecular Biotechnology, and ³Department of Genetics, Cell Biology and Development, University of Minnesota, Minneapolis, MN 55455 and ⁴TransGenome, Inc., Saint Paul, MO 55116

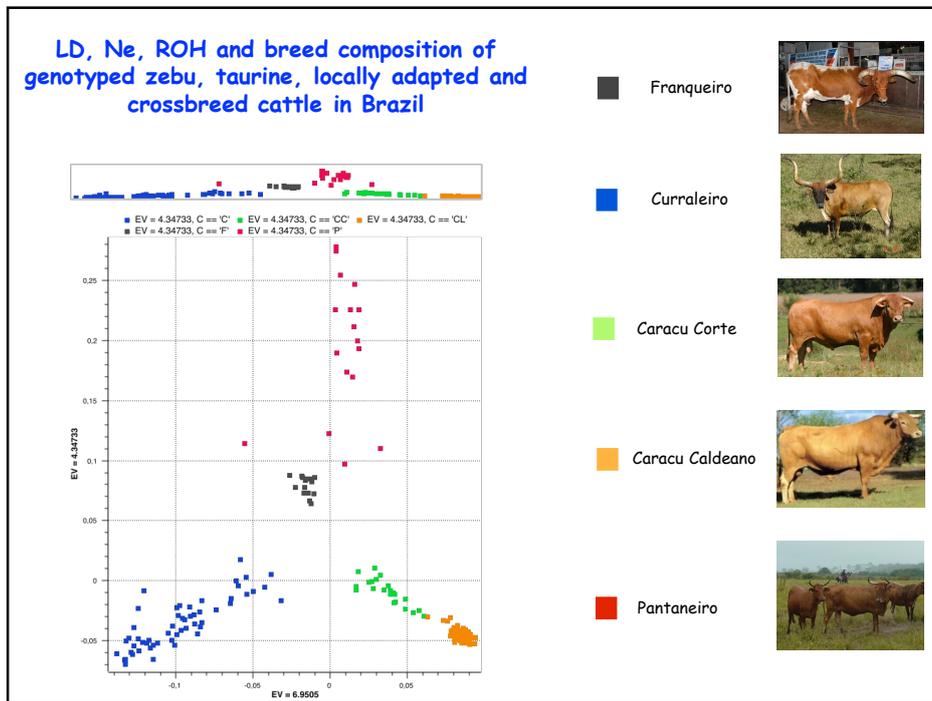
Edited by S. Michael Roberts, University of Missouri-Columbia, Columbia, MO, and approved August 12, 2013 (received for review June 1, 2013)

Embrapa

Possibilidade de Uso do Slick na Edição Gênica

SLICK

Projeto SEG: Dr. Luiz Sérgio Camargo
 Uso de ferramentas de edição genômica para redução do efeito do estresse térmico em rebanhos bovinos de corte e leite



De quais raças portuguesas foram originadas as raças brasileiras localmente adaptadas?

Embrapa

<https://anidop.iniav.pt/index.php/racas/racas-autoctones/bovinos/alentejana>

<https://anidop.iniav.pt/index.php/racas/racas-autoctones/bovinos/mertolenga>

Diapositivo 57

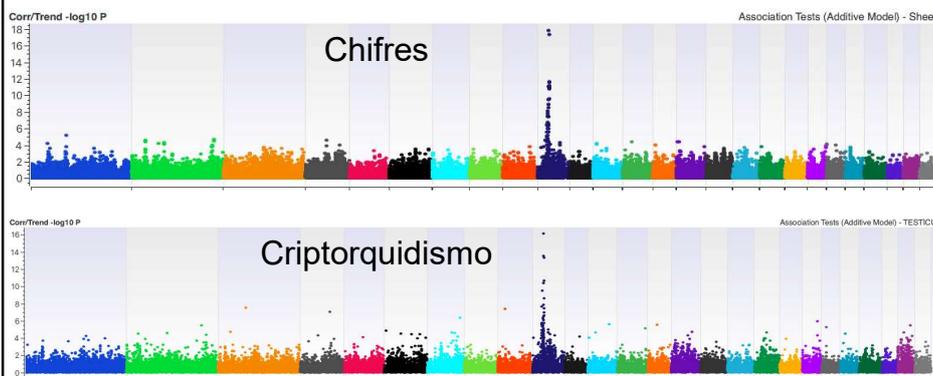
- IA1** Nesse slide, a figura está em *.png, o no próximo, o pca é um *.pdf. Use o que achar melhor.
C= curraleiro, CC = caracu de corte, CL = caracau de leite, F=franqueiro, P= pantaneiro
Imported Author; 20/11/2014
- IA2** Nesse slide, a figura está em *.png, o no próximo, o pca é um *.pdf. Use o que achar melhor.
C= curraleiro, CC = caracu de corte, CL = caracau de leite, F=franqueiro, P= pantaneiro
Imported Author; 20/11/2014

**GwasMorada- Estudos de associação ampla do genoma (GWAS)
para identificação de SNPs relacionados a presença/ausência de
chifres e descida testicular em ovinos Morada Nova**

Dr. Kleibe de Moraes Silva - CNPCO



**Identificação de SNPs relacionados a presença/ausência
de chifres e descida testicular em ovinos Morada Nova**



Conclusões

Embrapa

- O DNA de mamíferos determina várias características ligadas à adaptabilidade e a genômica pode ser aplicada de diferentes maneiras para a melhoria genética dos animais domésticos;
- Existem iniciativas no mundo que objetivam identificar e estudar os genes relacionados à termorregulação e adaptabilidade;
- Tecnologias genômica já vêm sendo intensamente aplicadas em vários países, no intuito de se obter animais que sejam mais adaptados e produtivos em ambientes hostis;
- Com a redução do custo das ferramentas genômicas, espera-se que a aplicação destas seja cada vez maior.

“Carpe diem...”



Marcos Vinicius Barbosa da Silva
marcos.vb.silva@embrapa.br