

Plan Overview

A Data Management Plan created using DMPTool

Title: The metabolomic approach to improve Nellore beef tenderness: a concept of metabotype and biomarkers

Creator: Nara Regina Cônsolo

Affiliation: Universidade de São Paulo (www5.usp.br)

Principal Investigator: Nara Regina Brandão Cônsolo

Data Manager: Nara Regina Brandão Cônsolo

Project Administrator: Nara Regina Brandão Cônsolo

Template: Template USP - Mínimo

Project abstract:

Consumer demand for high-quality meat is constantly increasing, with meat texture being the most important sensory property. This can influence the entire beef industry's profitability, and the control of meat tenderness is an important issue in animal production. Advances in genomics during the last two decades and in proteomics during the last decade have brought significant advancements in the understanding of the biochemistry behind post-mortem bovine meat tenderisation. However, our understanding of meat tenderness is still poor, as consequence this quality trait can therefore only be poorly predicted and controlled. In this context metabolomics could be used as an additional complex tool to decipher tenderness metabolism, enhancing our understanding of meat tenderness variability and developing a new method for meat evaluation and biomarker discovery. In this regard, this proposed research project will evaluate the phenotype, metabolome, metabotype and genome of Nellore male progenies from bulls with genomic information for meat tenderness, evaluated through prediction equation. Progenies will be evaluated at several times points from birth to slaughter, in order to better understanding the meat tenderness mechanism, establish a tenderness metabotype and propose muscle/meat and blood biomarkers for tenderness prediction right after slaughter and in animal live, respectively. For this,

600 cows will be inseminated with semen from six selected bulls as three high and three low tenderness, expecting at least 40 progenies of each bull. The cows will be kept in the same system, with the same nutrition and management. After two days of birth all male calves will be evaluated, blood samples will be collected for metabolomics and genomic analysis. The animals will be kept in the same system, with the same nutrition and management. The phenotypic data will be recorded, and blood samples will be collected for metabolomics analysis at weaning, at around 540 days age, during the finishing phase and before slaughter, at around 22-24 months of age. After slaughter, carcass data will be recorded, muscle and meat will be sampled for metabolomics analysis, and meat samples will be taken for quality analysis, including sensorial and objective tenderness. The results of this study will improve our understanding of meat tenderness, creating the first tenderness metabotype database and facilitate the development of biomarkers in blood and meat to predict meat tenderness in animals live or right after slaughter, which can be applied to assist cattle breeding programs, improving animals' selection for meat tenderness, in addition to promoting the development of new assessment approaches that may have a positive impact on all parts of this production chain.

Start date: 04-05-2021

End date: 04-04-2026

Last modified: 01-25-2021

Copyright information:

The above plan creator(s) have agreed that others may use as much of the text of this plan as they would like in their own plans, and customize it as necessary. You do not need to credit the creator(s) as the source of the language used, but using any of the plan's text does not imply that the creator(s) endorse, or have any relationship to, your project or proposal

The metabolomic approach to improve Nellore beef tenderness: a concept of metabotype and biomarkers - Descrição dos Dados e Metadados produzidos pelo projeto

Descrição dos dados e metadados produzidos

Que dados serão coletados ou criados?

Serão coletados três tipos de dados, tais como:

-Dados fenotípicos: que consistem nas informações sobre o desempenho animal, peso vivo, mensurações por ultrassonografia (área muscular e deposição de gordura subcutânea) do nascimento ao abate dos animais, e qualquer outra informação relevante ao projeto de pesquisa. No abate serão coletados os peso de carcaça e rendimento de carcaça. Durante a desossa, amostras de carne do músculo *Longissimus thoracis* (LT) serão coletadas para análise de cor, maciez objetiva, perdas por cocção e análise sensorial. Todos esses dados serão organizados em planilhas digitais (Microsoft Excel, formato XLS ou CSV). Além da geração de gráficos e obtenção de fotos referentes aos procedimentos que serão armazenadas em arquivo TIF.

-Dados metabolômicos: que se trata da coleta do plasma e carne de bovinos de corte para análise em ressonância magnética nuclear (RMN) e espectrometria de massa acoplada a cromatografia líquida de alta resolução (LC-HRMS). Para tanto amostras de plasma dos animais serão coletados ao nascimento, a desmama, antes do período de terminação e antes do abate. Já as amostras de carnes serão coletadas durante a desossa das carcaças. A análise em ambos os equipamentos gerará um resultado em forma de espectro, que por sua vez será identificado de acordo com a identificação do animal e o período de coleta (nascimento, desmama, etc), os espectros serão processados e o resultado se dará em uma planilha digital (formato CSV). Para coleta de dados de metabolômica alguns softwares serão utilizados: 1) Chenomx, cuja licença será obtida com a aceitação dessa proposta. O software será armazenado de forma a garantir acesso de terceiros, para tanto, o setor de informática da FZEA será contatado para encontrar a melhor forma de disponibilização, seja por meio remoto ou com a instalação do software na nuvem. 2) MestreNova, cuja solicitante do projeto já tem a licença e o software será disponibilizado a terceiros da mesma forma que o software Chenomx. 3) MetaboAnalyst, que se trata de uma plataforma online e "free" para uso, que pode ser acessa através do link <https://www.metaboanalyst.ca/>. 4) COLMARM, também se trata de uma plataforma online e "free" para uso que pode ser acessa através do link <http://spin.ccic.ohio-state.edu/index.php/colmarm/index>. Os resultados processados das análises metabolômicas serão armazenados em formato CSV, devido ao grande número de espectros coletados (por volta de 1200 espectros), esses serão armazenados em formato .zip.

-Dados de genômica: que se trata da análise de genotipagem dos animais utilizados nesse

experimento. Nesse caso, amostras de sangue serão coletadas ao nascimento e enviados para uma empresa, que será contratada para realização dessa análise. Os dados gerados também serão em formato de planilhas digitais. Os resultados processados da análise de genotipagem serão armazenados em formato CSV.

As planilhas serão organizadas com a identificação do animal em linha e os fatores analisados em colunas (ex. GMD, PV, etc)

As pastas com dados brutos serão estruturadas e nomeadas usando as condições utilizadas para efetuar a análise: tipo de análise, tipo de amostra, período a que se refere, data, etc. Por exemplo: NMR_plasma_desmama_21.07.23. Demais informações podem ser adicionada na eventualidade caso seja necessário.

Os dados brutos ficarão disponíveis aos colaboradores, a Instituição sede e a Agência de Fomento a Pesquisa (FAPESP) através de um sistema de compartilhamento em nuvem a todo e qualquer momento do experimento. Os dados brutos também serão disponibilizados aos público a partir da publicação dos artigos referentes a essa pesquisa através do Repositório de dados da USP (<https://repositorio.uspdigital.usp.br/>).

Informações completas sobre as condições, e métodos usados para produzir os dados também serão fornecidos em um arquivo PDF. Essas informações também estarão disponíveis no sistema de nuvem.

Como os dados serão coletados ou criados

Para coleta de dados, o projeto proposto envolve o acompanhamento dos dos bovinos Nelore desde o nascimento até o abate, acompanhando os animais em todas as fases de criação, fazendo as coletas de dados fenótipo e amostragens de tecido biológico ao nascimento, a desmama, antes do período de terminação, durante o período de confinamento, antes do abate, após o abate e durante a desossa. A metodologia em detalhes utilizada para cada tipo de coleta, que permitirá alta qualidade para coleta dos dados, está descrita no projeto de pesquisa. A partir da coleta, as amostras biológicas serão armazenadas em freezer -80 °C ou em -20 °C (dependendo da amostra em questão). Quanto aos dados coletados a campo, as informações serão transferidas para uma planilha online formato CSV ou DOCX. Fotos e gráfico em formato TIF. Todo esse material será estocado e atualizado em sistema de compartilhamento em nuvem, ficando disponível as colaboradores, Instituição sede e Financiadora a qualquer momento durando o experimento.

As pastas com dados brutos serão estruturadas e nomeadas usando as condições utilizadas para efetuar a análise: tipo de análise, tipo de amostra, período a que se refere, data, etc. Por exemplo: NMR_plasma_desmama_21.07.23. Demais informações podem ser adicionada na eventualidade caso seja necessário.

Informações adicionais serão adicionadas quando necessário, para permitir fácil interpretação dos dados. Os dados armazenados incluirão pontos importantes da metodologia utilizada, n amostral, período amostral e condições específicas do teste, quando houver.
