

USO DE HERRAMIENTAS CUANTITATIVAS Y GENÓMICAS PARA EL ANÁLISIS DE RASGOS REPRODUCTIVOS Y PRODUCTIVOS PARA LA ELECCIÓN DE REPRODUCTORES SUPERIORES

THE USE OF QUANTITATIVE AND GENOMIC TOOLS FOR THE ANALYSIS OF REPRODUCTIVE AND PRODUCTIVE TRAITS TO SELECT SUPERIOR ANIMALS

Investigadores USAL:

Poli, Mario Andrés (poli.mario@inta.gob.ar); Salerno, Juan Carlos

Investigadoras externas:

Raschia, María Agustina; Donzelli, María Valeria; Caffaro, María Eugenia

Palabras clave: genómica bovina, lechería, GWAS

Keywords: *livestock genomics, milk, GWAS*

Resumen

El proyecto plantea contribuir a la mejora de la producción de lechería nacional mediante la investigación de los genes que influyen en los caracteres reproductivos y productivos en bovinos de la cuenca central de Argentina. Este plantea explotar la información que brindan las nuevas tecnologías de genotipificación de paneles de marcadores moleculares de ADN, en conjunto con las recientes metodologías de análisis de datos masivos, con el fin de dilucidar los procesos biológicos implicados en caracteres evaluados, brindando información útil para los programas de mejoramiento, con el afán de mejorar la rentabilidad de la producción lechera del país. En primer lugar, se analizarán los registros de control lechero pertenecientes a tambos de la cuenca lechera santafesina argentina, que reúnen aproximadamente 100 000 vacas en ordeño con Control Oficial. Se describirá la población en relación con la cantidad y calidad de leche que produce, como también parámetros productivos y de fertilidad (intervalo entre partos; intervalo parto - primer servicio; intervalo parto-concepción; intervalo primer servicio - concepción). Se estimarán parámetros genéticos, mediante análisis de modelos lineales mixtos empleando el método de Máxima Verosimilitud Restringida (REML). A partir de datos de genotipificación con los que se cuentan (1000 animales) más genotipos nuevos a determinar en este proyecto (250 padres), se realizará un análisis de asociación en el nivel de genoma completo, utilizando el método ssGWAS (análisis de asociación de genoma completo de un solo paso), con el objetivo de identificar asociaciones entre variantes alélicas y los caracteres estudiados. La información generada en el estudio de asociación proveerá las bases para estudios de vías metabólicas relacionadas, donde las regiones cromosómicas que contienen genes, que aparezcan como asociadas, serán utilizadas para inferir grupos de genes funcionalmente relacionados y que complementarán los estudios de asociación.

Abstract

The project proposes to contribute to the improvement of national dairy production by investigating the genes that influence the reproductive and productive characteristics of cattle in the central region of Argentina. It proposes to exploit the information provided by new technologies for genotyping panels of DNA molecular markers, in conjunction with recent massive data analysis methodologies, in order to elucidate the biological processes involved in evaluated characters, providing useful information for improvement programs, in an effort to improve the profitability of the country's milk production. In the first place, the milk control records will be analyzed, belonging to dairy farms in the Argentine dairy region of Santa Fe Province, which gathers approximately 100,000 milking cows with Official Control. The population will be described in relation to the quantity and quality of milk it produces, as well as production parameters and fertility (interval between deliveries; Interval delivery-first service; Interval delivery-conception; Interval first service - conception). Genetic parameters will be estimated through mixed linear model analysis using the Restricted Maximum Likelihood (REML) method. From available genotyping data (1000 animals) plus new genotypes to be determined in this project (250 parents), an association analysis will be carried out at the whole genome level, using the ssGWAS method (single-step genome-wide association analysis), with the aim of identifying associations between allelic variants and the studied characters. The information generated in the association study will provide the basis for studies of related metabolic pathways, where the chromosomal regions containing genes, which appear as associated, will be used to infer groups of functionally related genes and that will complement the association studies.