

FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS

ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA EN LA ESPECIE CAPRINA, ANÁLISIS DE BLOQUES DE HOMOCIGOSIDAD Y VARIACIÓN EN EL NÚMERO DE COPIAS

Ziegler, Tatiana Elisa

Demyda Peyras, Sebastián (Dir.), Fernández, María Elena (Codir.)

Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET). Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP.

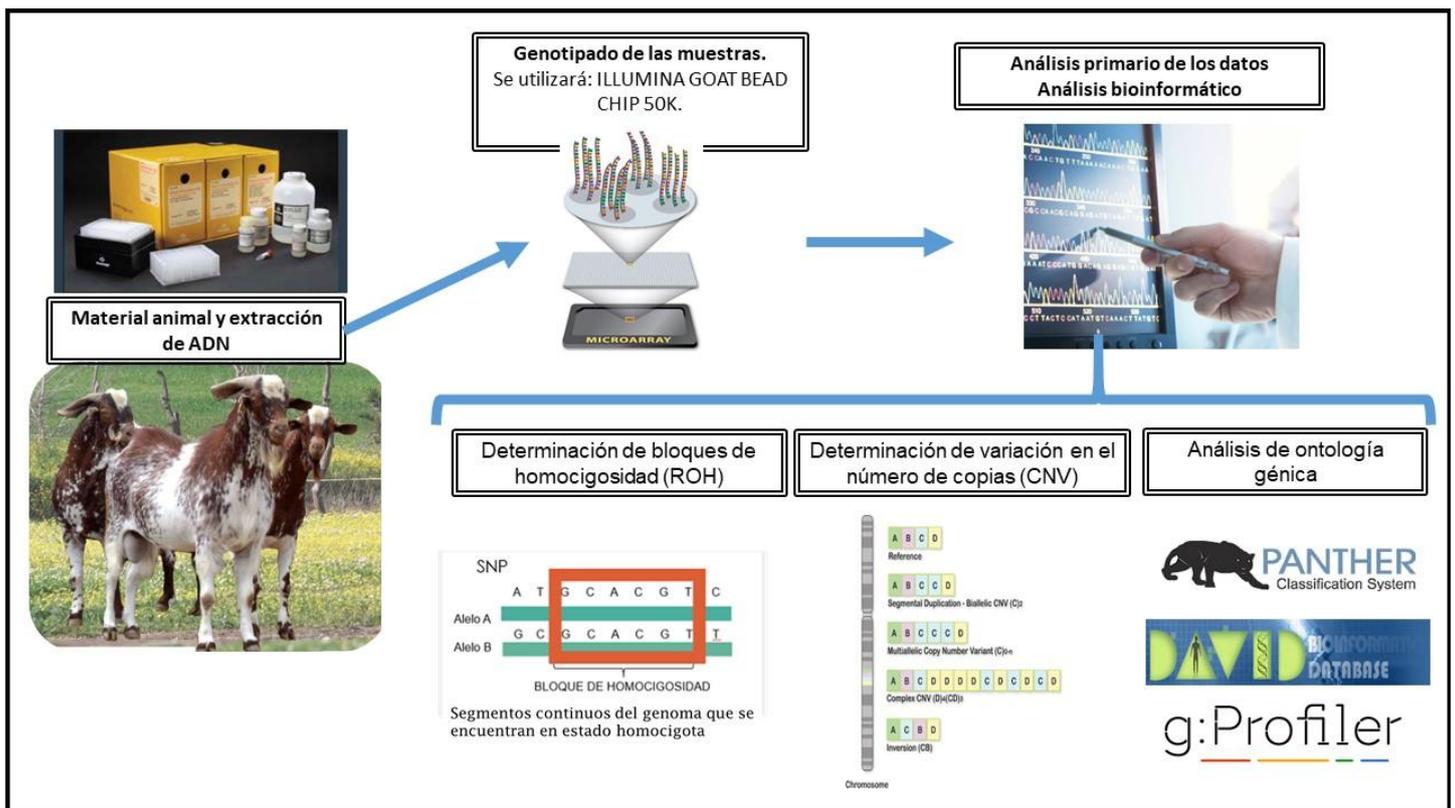
zieglertatiana@gmail.com

PALABRAS CLAVE: Cabra, ROH, CNV.

STUDY OF GENETIC VARIABILITY IN GOATS, RUNS OF HOMOZYGOSITY AND COPY NUMBER VARIATION

KEYWORDS: Goat, ROH, CNV.

Resumen gráfico



Resumen

Introducción: La producción caprina a nivel mundial está en expansión, debido a la rusticidad que presentan este tipo de animales para el aprovechamiento de áreas marginales, en las cuales otro tipo de especies pecuarias no podrían producir. En nuestro país, la cabra podría ser una excelente alternativa en la zona patagónica, como así también en el NOA, debido a la presencia de climas secos y recursos forrajeros limitados. Sin embargo, la producción de esta especie se caracteriza por la utilización de recursos genéticos poco conocidos, así como la ausencia de un plan de mejora y conservación de su variabilidad. Es por esto, que urge la implementación de un sistema de caracterización de los recursos genéticos; puede plantearse como el primer paso para comenzar a mejorar las condiciones productivas de los pequeños productores caprinos.

Hipótesis: La hipótesis del presente plan de investigación sostiene que el estudio de poblaciones caprinas mediante tecnologías genómicas permite su caracterización genética, así como también la determinación del efecto de la endogamia en los individuos y la detección de genes involucrados en procesos biológicos asociados a las características raciales.

Objetivo: El objetivo general del Plan de Tesis consiste en caracterizar de la variabilidad genética en razas caprinas y analizar los niveles de endogamia y sus efectos, utilizando técnicas de genotipado masivo y análisis bioinformáticos mediante diferentes enfoques.

Materiales y Métodos: Material animal y kit de extracción de ADN, genotipado de muestras mediante el kit: Illumina® 50K Goat Bead Chip.

Luego el análisis de datos de los SNPs será realizado siguiendo los procedimientos estándar de la unidad bioinformática del IGEVET. Finalmente, mediante el software R Studio y paquetes específicos se analizarán los datos en busca de Bloques de Homocigosidad (ROH) y variaciones en el número de copias (CNV), y se concluirá el análisis mediante gen ontology.

Actualmente, se realizó la puesta a punto de los diferentes programas bioinformáticos a utilizar para el análisis de los datos genómicos.

Conclusión: La utilización de datos genómicos es una realidad hacia la cual se están dirigiendo la mayoría de los programas de mejora. Este tipo de integraciones permiten mejorar la eficiencia de las predicciones realizadas, así como determinar los valores de cría de animales sin fenotipar (Boichard et al. 2015; Pszczola & Calus 2016; Schöpke & Swalve 2016). Sin embargo, su desarrollo en la especie caprina es aún muy escaso (Stock & Reents 2013), existiendo muy pocos países en los cuales este tipo de tecnologías se estén implementando (Carillier et al. 2013; Mucha et al. 2015). Es por ello que desarrollar mecanismos de obtención de datos genómicos para su posterior utilización en programas de mejora es una tarea necesaria en todas las especies de animales domésticos.

Multimedia

<http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/113990>