

Criterios de selección de animales para estudios de asociación por genotipado masivo

G. Ciappesoni¹, D. Gimeno², W. Iriarte¹, D. Castells², N. Grasso¹, G. Rincón³, E. Navajas⁴

¹ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Las Brujas, Canelones, Uruguay.
Correo electrónico: gciappesoni@inia.org.uy

² Secretariado Uruguayo de la Lana (SUL), Montevideo, Uruguay. ³University of California, Davis, USA.

⁴Scottish Agricultural College, Edinburgh, United Kingdom.

Introducción y objetivos

En Uruguay, las parasitosis gastrointestinales (PGI) tienen un gran impacto sanitario-económico en la producción ovina (Castells, 2008). El uso de animales genéticamente resistentes a las PGI, es una herramienta usada en Merino Australiano y Corriedale para disminuir su impacto. Estos animales son identificados mediante la Diferencia Esperada en la Progenie (DEP) del conteo de Huevos Por Gramo de materia fecal (HPG). El registro de HPG es dificultoso y requiere cierto nivel de parasitosis en los corderos evaluados. Esto implica pérdidas económicas para los cabañeros, y por ende reticencias de los mismos a la toma de datos. Es por ello, que la identificación de los genes asociados al HPG a través del uso de chips de alta densidad de SNP permitiría facilitar la identificación de animales resistentes con mayor precisión a través de la selección genómica. En el presente trabajo se describe la metodología utilizada en la selección de animales extremos para la resistencia a PGI para su posterior genotipado (OvineSNP50 Genotyping Bead Chip de Illumina®).

Materiales y métodos

Se utilizaron animales provenientes de la majada experimental Corriedale del SUL en la cual se aplica selección divergente para resistencia (R) y susceptibilidad (S) a PGI (Castells, 2008). La base de selección fueron 189 animales (125R y 64S) de las generaciones 2008 y 2009, de los cuales se eligieron 60 (30R y 30S) por Genotipado Selectivo (Darvasi y Soller, 1992). Los criterios de elección fueron: (1) valores de DEP de HPG extremos (R y S); (2) coeficiente de parentesco promedio (AR) menor a 0.04 (valores calculados por medio del software ENDOG v4.6, Gutiérrez y Goyache, 2005); y (3) que los animales muestreados sean hijos de la totalidad de los carneros padres de cada subpoblación.

Resultados y discusión

Las tendencias genéticas de ambas sub-poblaciones para HPG se presentan en la Fig 1. El promedio de DEP HPG ($\text{Log}_e \text{HPG} + 100$) de la base de selección fue de -0.244 y 0.322 para las poblaciones R y S, respectivamente; mientras que el mismo para los animales seleccionados (30R y 30S) fue de -0.370 y 0.372, respectivamente. La media del AR de los animales seleccionados fue de 0.027 y 0.025 para 30R y 30S respectivamente, siendo similar al AR de la base de selección (0.025 y 0.028, para R y S).

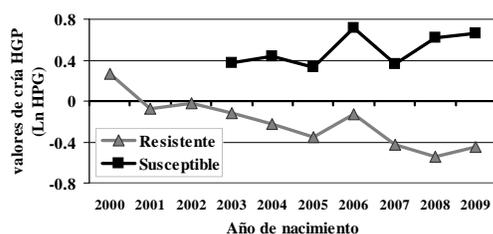


Figura 1. Tendencias genéticas HPG.

Conclusión

Fue posible la selección de animales extremos en cada línea minimizando simultáneamente el parentesco y maximizando el número de padres representado, criterios asociados a un mayor poder en los análisis de asociación.

Referencias

- CASTELLS, D. 2008. Tesis de Maestría. UDELAR.
 DARVASI, D.; MOLLER, M. 1992. *Theor. Appl. Genet.* 85: 353-359.
 GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F. 2005. *J. Anim Breed. Genet.* 122: 357-360.