

FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS

EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS DE LA ENDOGAMIA EN LA CALIDAD SEMINAL BOVINA MEDIANTE EL ANÁLISIS DE BLOQUES DE HOMOCIGOSIDAD, VARIACIÓN EN EL NÚMERO DE COPIAS Y ESTUDIOS DE ASOCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO

Teran, Ester

Demyda- Peyrás Sebastián (Dir.), Goszczynski, Daniel (Codir.)

Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET).

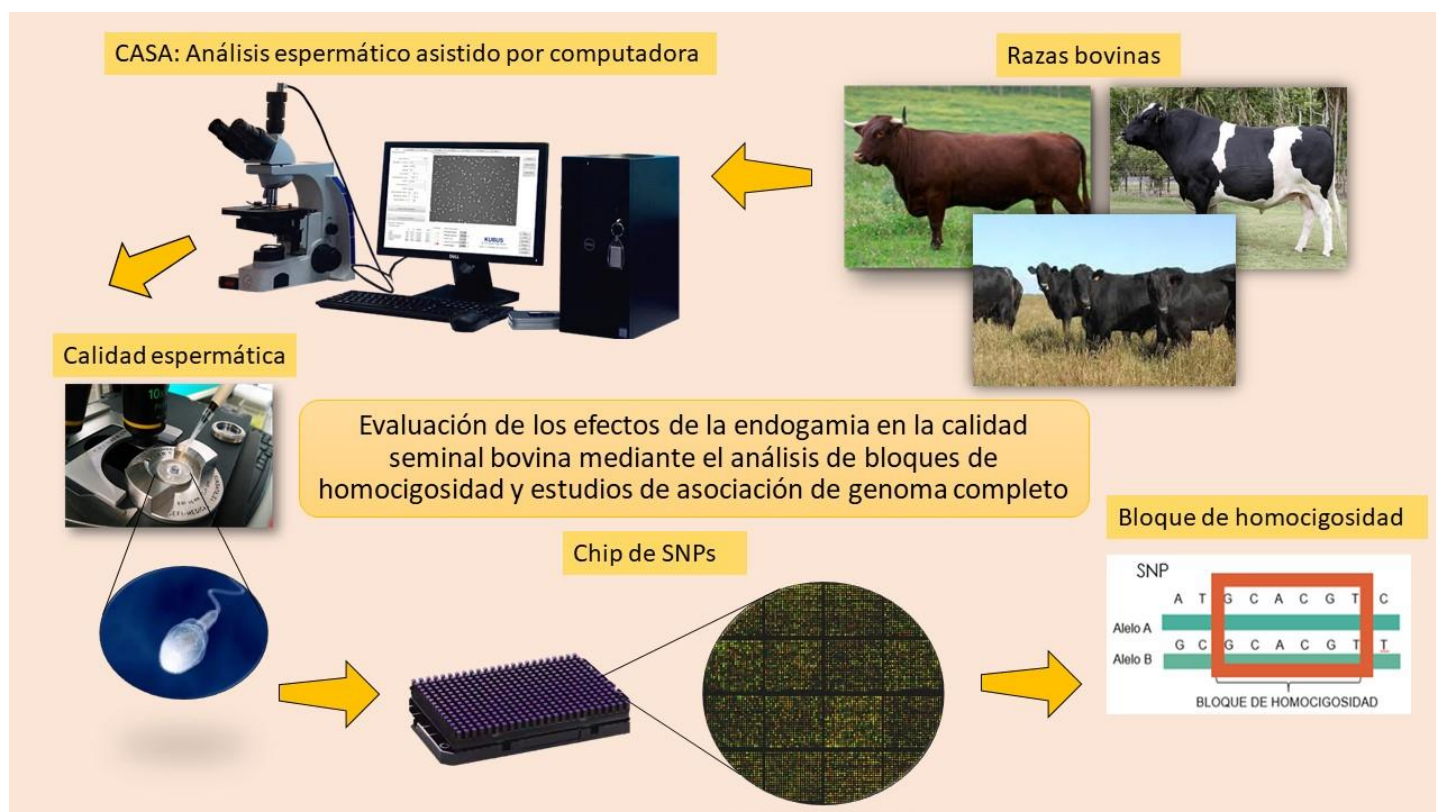
eteran@igevet.gob.ar

PALABRAS CLAVE: consanguinidad, bovinos, calidad espermática, ontología génica, Microarray-SNP.

EVALUATION OF THE EFFECTS OF INBREEDING ON BOVINE SEMEN QUALITY THROUGH THE ANALYSIS OF RUNS OF HOMOZYGOSITY, COPY NUMBER VARIATION AND GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDIES

KEYWORDS: inbreeding, bovine, sperm quality, gene ontology, array-SNP.

Resumen gráfico





Resumen

La consanguinidad, caracterizada por la reproducción entre individuos emparentados, es un fenómeno genético que ha sido ampliamente estudiado. Dicho fenómeno suele provocar una menor adaptabilidad al medio, menor resistencia a enfermedades e incluso problemas reproductivos. Este último ocurre con una elevada frecuencia en producción bovina, debido a la intensa presión de selección aplicada o al uso de núcleos cerrados de reproducción. A pesar de ello, los estudios que relacionan los efectos de la consanguinidad con caracteres reproductivos en bovinos aún son escasos, y sobretodo, aquellos que evalúan el efecto específico sobre la calidad espermática.

En el presente trabajo de tesis se busca confirmar la existencia de un efecto detrimental de la consanguinidad en la calidad espermática de machos de las razas bovinas Aberdeen Angus, Holstein y Retinta, así como también detectar el mecanismo genético de acción que lo rige. Para

ello se han utilizado tecnologías genómicas de última generación (HD-array: chips de SNP de alta densidad) en animales divergentes en cuanto a su nivel de endogamia molecular, evaluada mediante el análisis de Runs of Homocigosity (ROH); y como valores fenotípicos se emplearon los resultados de caracterización espermática obtenidos mediante un sistema de análisis espermático computarizado (CASA), que permite una identificación objetiva, robusta y confiable de motilidad y morfometría espermática. Estos valores se asociarán a regiones genómicas sobre o sub-representado para luego analizarse mediante una “pipeline” informática que los intentará asociar con genes y rutas metabólicas con la finalidad de explicar un posible mecanismo de acción (Ontología génica). Finalmente se pretende encontrar marcadores moleculares que puedan servir como base para estudiar el mecanismo que determina la depresión endogámica en calidad espermática y su asociación con la fertilidad.