

ESTUDIO DE ASOCIACIÓN DEL GENOMA COMPLETO (GWAS) PARA TEMPERAMENTO EN OVINOS DE RAZA MERINO AUSTRALIANO EN URUGUAY

Romaniuk, E.¹, Vera, B.N.², Peraza, P.², Damián, J.P.³, Van Lier, E.¹, Ciappesoni, C.G.²

El ovino en condiciones extensivas debe ser fácil de manejo y eficiente en el uso de los recursos disponibles. El temperamento es el miedo y la reactividad de un animal frente a humanos y ambientes nuevos, extraños o amenazantes. La selección por el tipo calmo, tiene un impacto positivo sobre el desempeño de estos animales. Seleccionar a favor del temperamento calmo, podría mejorar la adaptación del ovino a condiciones extensivas y mejorar su bienestar. El objetivo de este trabajo fue identificar mediante una aproximación GWAS, regiones genómicas que pudieran estar asociadas al temperamento en ovinos de la raza Merino Australiano. El temperamento de los corderos fue caracterizado fenotípicamente con el Test de Cajón de Aislamiento, registrando el escore de agitación causado por los movimientos y vocalizaciones del animal. Se estudiaron 323 ovinos provenientes de diferentes cabañas comerciales que han sido genotipados con un panel de 507 SNP, personalizado para la identificación de razas, resistencia a parásitos, cuernos y asignación de parentesco. Usando el programa PLINK v1.9 se realizó el control de calidad de datos ($-maf$ 0.01, $-geno$ 0.15, $-mind$ 0.15) y el estudio de asociación a nivel genómico. Resultaron disponibles para el análisis 438 SNPs distribuidos a lo largo del genoma; se calculó la asociación individual de cada uno de ellos con el temperamento. El total de SNPs estudiados no tuvieron un p-valor significativo ($-\log_{10} < 5$); se observaron asociaciones débiles en el cromosoma 2 y en otros SNPs, que sugieren regiones genómicas de interés. Se plantean nuevos análisis que consideren desarrollar e incorporar la Diferencia Esperada de la Progenie para temperamento en el estudio de asociación, así como genotipar con paneles de mayor densidad que permitan disminuir el sesgo de los marcadores seleccionados y poder estudiar y confirmar las regiones genómicas asociadas a la característica.

¹Dpto. de Producción Animal y Pasturas, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA Las Brujas, Rincón del Colorado, Canelones, Uruguay

³Dpto. de Biología Molecular y Celular, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

* estefaniaromaniuk@hotmail.com