

ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN GÉNICA EN OVINOS RESISTENTES A PARÁSITOS GASTROINTESTINALES MEDIANTE RNA-Seq

Peraza, P.^{1*} Rincón, G.² Sotelo-Silveira, J.³ Dalla Rizza, M.¹

¹ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Las Brujas, Canelones, 90200, Uruguay.

² Departamento de Genómica Animal, Pfizer, USA.

³ Departamento Genómica, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay.

*E-mail: pperaza@inia.org.uy

Palabras claves: Ovis Aries, transcriptómica, secuenciación

Las parasitosis gastrointestinales (PGI) tienen un gran impacto sanitario-económico y contaminante en la producción ovina del Uruguay. Actualmente se utilizan tratamientos antihelmínticos, los que han llevado al desarrollo de resistencia de los parásitos a los químicos utilizados y por consiguiente su pérdida de efectividad. Otra opción es la de realizar una selección de ovinos resistentes mediante el DEP (Diferencia Esperada en la Progenie) del recuento de huevos de parásitos/gramo de heces (HPG). En nuestro país, si bien esto es aplicado en algunas cabañas, es una característica compleja de medir que además presenta valores de heredabilidad moderados.

Este tipo de trabajos intenta estudiar el perfil de expresión de genes mediante el análisis del transcriptoma (parte del genoma que es transcrito) en tejidos directamente relacionados con la invasión y defensa a PGI. Los animales utilizados fueron provenientes de líneas divergentes de ovinos de la raza Corriedale del Secretariado Uruguayo de la Lana (SUL) sometidos a una selección de más de 15 años a la resistencia/susceptibilidad genética a PGI. La técnica de secuenciación utilizada (RNA-Seq) permite obtener un perfil de expresión, el cual, mediante la utilización de herramientas bio-informáticas es posible determinar las características de sus secuencias y la abundancia relativa para cada tejido. El análisis del transcriptoma de estos tejidos contribuye al entendimiento de su expresión y regulación diferencial provenientes de distintos tipos celulares de individuos con respuestas fisiológicas diferentes ante iguales condiciones ambientales. Esta técnica, permite a su vez buscar marcadores en genes expresados permitiendo un análisis con alta resolución del transcriptoma con el fin de comprender funcionalmente los genes que intervienen en la expresión de fenotipos.