

Utilización de la secuenciación masiva paralela para el análisis de la arquitectura molecular de la producción de leche en el ganado ovino de raza Churra

Objetivo del proyecto

En el proyecto se pretenden utilizar las técnicas de secuenciación masiva paralela, también conocidas como técnicas de secuenciación de nueva generación o post-Sanger, para poder clarificar la arquitectura molecular de los caracteres de producción de leche en el ganado ovino de raza Churra.

Se plantean dos objetivos:

- **Objetivo 1:** Utilización de la secuenciación masiva paralela y el genotipado de alta densidad para la localización de las mutaciones causales de los QTL que controlan los caracteres de producción de leche en la raza Churra - para su consecución se secuenciarán de forma individual 5 tríos compuestos de un padre segregante para una serie de QTL y dos de sus hijas, cada una de un extremo de la distribución. La secuencia de estos animales será alineada frente al genoma ovino de referencia y en las regiones de interés se analizará la nueva variabilidad detectada y se establecerán las fases cromosómicas de los sementales. Esta nueva variabilidad será imputada en dos fases a una población de 1.600 ovejas de raza Churra analizadas en un anterior proyecto de investigación. En una primera a un subconjunto de 150 animales genotipados mediante un chip de alta densidad (650-700 K) y finalmente al resto de animales analizados con el chip de 50K. De esta forma se pretende tener un conjunto de mutaciones dentro de las cuales estén las causales y aumentar la potencia del diseño para detectar las regiones genómicas controlando los caracteres de producción de leche en esta especie.
- **Objetivo 2:** Análisis dinámico del transcriptoma de la glándula mamaria de la raza Churra mediante RNA-Seq- se pretende analizar el transcriptoma de la glándula mamaria ovina mediante técnicas de secuenciación masiva paralela (RNA-Seq). Se analizará la dinámica de expresión de los genes en células epiteliales de la mama en tres momentos de la lactación (inicio mitad y final de la misma). Los datos genómicos y transcriptómicos serán confrontados en espera de poder identificar las posibles mutaciones causales de los efectos detectados. Se espera que los resultados obtenidos ayuden a conocer la arquitectura molecular de la producción de leche en esta especie.

Periodo de ejecución

La duración del proyecto será desde el año **2013** al **2016**.

Financiación del proyecto

Subprograma de Proyectos de Investigación Fundamental, PLAN NACIONAL de I+D+i 2008-2011 del Ministerio de Economía y Competitividad, MINECO, www.mineco.es

Participantes del proyecto

Departamento de de Producción Animal de la Universidad de León, www.unileon.es

Csiro- Livestock Industries, www.csiro.au

University of California Davis, www.ucdavis.edu

Fundación Centro de Supercomputación de Castilla y León, www.fcsc.es

Justificación del proyecto

En los últimos 20 años el grupo de investigación ha estudiado distintos aspectos de la genética de la oveja Churra para tratar de incrementar el rendimiento económico de las explotaciones ganaderas ovinas, ofreciendo ya alguno de estos estudios resultados aplicativos claros.

La diversidad en los sistemas de manejo que se aplican en la raza Churra hace que la estimación de los caracteres de heredabilidad ofrezca valores sensiblemente más bajos que los que se puedan obtener en otras poblaciones, dando lugar a una respuesta genética y una rentabilidad inferiores a las esperadas en relación a las que se obtienen en estas otras poblaciones. La solución a estos datos parece derivada hacia la consecución de una reducción de la enorme varianza de tipo ambiental, para que de esta forma se puedan homogeneizar los sistemas de producción. Estas circunstancias han hecho que algunos ganaderos en Castilla y León hayan optado por cambiar las ovejas autóctonas Churras por otras especies foráneas más productoras y con una mejor adaptación a sistemas de producción intensiva, sin embargo los sistemas intensivos requieren de la ingesta de alimentos concentrados que cada vez resultan más caros y competitivos con la alimentación de la especie humana, otra alternativa aún más drástica es el abandono de la producción ovina con la consiguiente pérdida de diversidad genética que este hecho supone.

La producción de leche es un carácter complejo que se ve afectado por un número grande de genes con un efecto individual pequeño (poligenes), influencias del ambiente e interacciones múltiples entre los genes y el ambiente. Esto hace que determinar el papel de estos poligenes sea una tarea difícil.

Con este proyecto se pretende avanzar en el

conocimiento de la base genética de los caracteres implicados en la producción de leche en el ganado ovino.

Funciones de la FCSC

La FCSC dentro del marco del proyecto tiene como objeto principal la prestación de servicios de cálculo paralelo que permitirá identificar y verificar variaciones en la secuencias de DNA.

Líder del proyecto

DEPARTAMENTO DE PRODUCCIÓN ANIMAL, Universidad de León (ULE), www.unileon.es

El Departamento de Producción Animal ejerce su docencia en 4 titulaciones diferentes, actividad que engloba desde el primer y segundo ciclo, hasta la docencia en tercer ciclo-doctorandos.

Su actividad investigadora se centra en varias líneas de trabajo que desarrollan los siguientes grupos de investigación:

- Acuicultura Continental.
- Alimentación de Rumiantes.
- Ecología Ruminal.
- Etología y Manejo de Animales Útiles.
- Mejora Genética Animal.
- Producción y Conservación de Forrajes.

Los servicios de I+D+i que ofrecen van desde las Técnicas de cultivo de astácidios o de la ténca, hasta el Análisis bromatológico de leche, pasando por la Gestión de riesgos en la empresa agroalimentaria o la Identificación y verificación genealógica mediante pruebas de ADN, entre otros.

Asimismo posee innumerables publicaciones y documentos fruto de su actividad investigadora.



GOBIERNO DE ESPAÑA
MINISTERIO DE INDUSTRIA, TURISMO Y COMERCIO



Unión Europea
Fondo Europeo de Desarrollo Regional
"Una manera de hacer Europa"

Código AGL2012-34447