

Análisis del transcriptoma de la mucosa y los ganglios abomasales para la identificación de genes involucrados en la resistencia a los nematodos gastrointestinales en ovejas adultas

Objetivo del proyecto

El objetivo del proyecto es la utilización de la secuenciación masiva paralela para identificar nuevos genes candidatos, y mutaciones, relacionados con la respuesta inmune diferencial en ovejas “resistentes” y “susceptibles” a las infecciones por nematodos gastrointestinales (GIN). Esto se realizará mediante el estudio comparativo del perfil de expresión génica de los ganglios abomasales y de la mucosa abomasal en ovejas adultas resistentes y susceptibles a la infección por GIN.

Periodo de ejecución

19 de noviembre del **2014** al 30 de septiembre del **2017**.

Financiación del proyecto

Convocatoria de Apoyo a proyectos de investigación a iniciar en el año 2014, de la Consejería de Educación de la Junta de Castilla y León, www.educa.jcyl.es

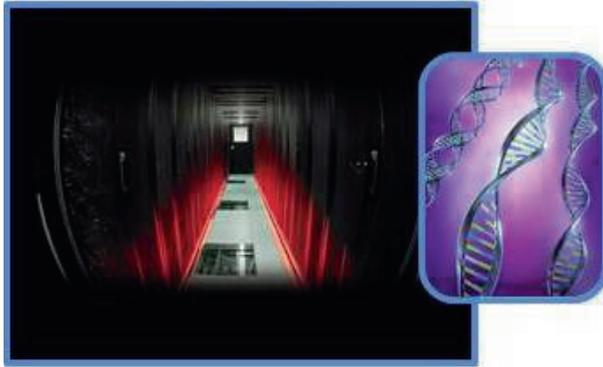
Participantes del Proyecto

Grupo de Mejora Genética Animal del Departamento de Producción Animal de la Universidad de León, www.unileon.es

Supercomputación de Castilla y León (SCAYLE), www.scayle.es



Las infecciones por nematodos gastrointestinales constituyen un grave problema para el ganado ovino con manejo semi-extensivo.



Este proyecto utilizará técnicas de secuenciación masiva paralela para identificar los genes activados de forma diferencial en animales resistentes y susceptibles a estas infecciones.

Líder del proyecto

El 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 astácidos o de la tenca, 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.

Justificación del proyecto

Este proyecto se plantea como una estrategia complementaria a la identificación de genes con influencia sobre la resistencia a la infección por GIN en ganado ovino por métodos clásicos de mapeo génico. En este caso se seguirá una aproximación funcional basada en las diferencias de los genes que se activan de forma diferencial entre animales resistentes y susceptibles en el lugar de la infección. La identificación de genes y mutaciones relacionadas con la resistencia a las parasitosis gastrointestinales hace que los resultados de este estudio puedan servir para establecer las bases del uso de la selección genética, auxiliada por esta información molecular, como complemento de los métodos de control utilizados actualmente, de esta forma se espera que se dé lugar a una reducción en el uso de fármacos antihelmínticos. Asimismo, de forma directa, también se va a proporcionar una mejora del bienestar animal y un incremento de la productividad/rentabilidad de las explotaciones ovinas, conllevando además de forma indirecta una reducción de residuos farmacológicos en los productos animales, y por tanto un beneficio para la salud pública.

Funciones de SCAYLE

Este proyecto se basa en el análisis de datos de RNA-Seq, en los que gracias al uso de las tecnologías de secuenciación de tercera generación se secuenciará el transcriptoma completo de los ganglios y la mucosa del abomaso de los dos grupos de animales en estudio. Es decir que se generará información de todos los genes que se expresan en el lugar de la infección. Además de la gran capacidad de almacenamiento necesaria para albergar la información generada, los análisis bioinformáticos que se realizarán con los datos de RNA-Seq necesitan de una gran capacidad de procesamiento y se verán altamente beneficiados por la utilización de la computación en paralelo ofrecida por el supercomputador de SCAYLE.