



ESTUDIO DE ASOCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO PARA RESISTENCIA GENÉTICA A NEMATODOS GASTROINTESTINALES EN OVINOS CORRIEDALE

Carracelas B, Navajas EA, Vera B, Ciappesoni G
bcarracelas@inia.org.uy

1 Introducción

Selección genética como alternativa de control de **nematodos gastrointestinales (NGI)** en ovinos utilizando el **recuento de huevos por gramo en heces (HPG)** como criterio de selección

2 Objetivo

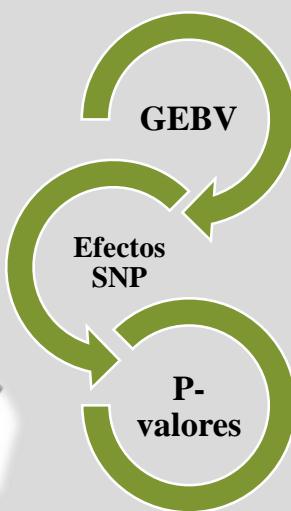
Identificar regiones genómicas asociadas a la resistencia a NGI en ovinos Corriedale utilizando 2 paneles de baja densidad y 1 de mediana densidad

3 Materiales y Métodos

19.547 corderos con dato de **HPG + DF**



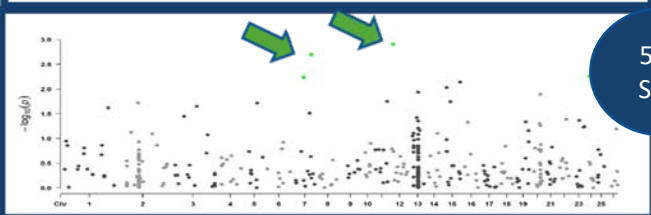
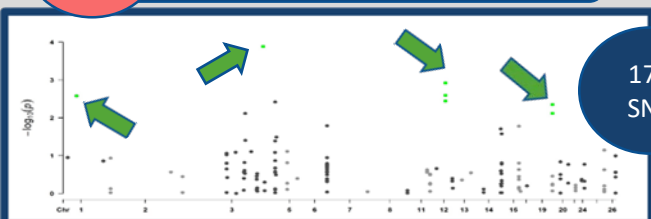
454, 711 y 383 genotipados con 170, 507 y 50K SNP



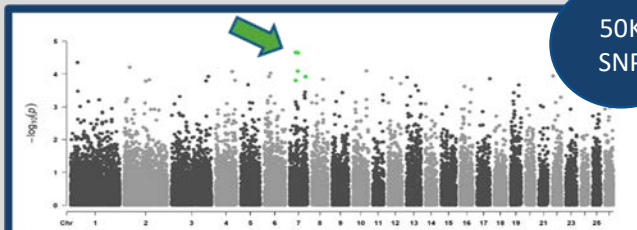
Modelo animal univariado con efectos fijos Grupo Contemp + Tipo Nac + Edad Madre + covariable (Edad Registro)

ssGWAS

4 Resultados



Manhattan Plots con los $-\log_{10}$ (p-valores) de cada SNP en el eje de las y y la posición del SNP a lo largo de los 26 cromosomas en el eje de las x. En verde los SNP significativos (FDR de 5%)



5 Conclusiones

Los genes candidatos encontrados fueron: TIMP3, TLR5, LEPR y TLR9 (170 SNP), SYNDIG1L y MGRN1 (507 SNP) e INO80, TLN2, TSHR y EIF2AK4 (50K SNP)

- Se validan **regiones genómicas** en los cromosomas **1, 3, 12 y 19** localizadas en **genes** relacionados al **sistema inmune** (TIMP3, TLR5, TLR9 y LEPR), ya reportados anteriormente en otras razas ovinas como **asociados a HPG**
- Se identifican regiones en los cromosomas **7 y 24** asociadas a HPG, no reportadas previamente