

Rol de la variabilidad genética en la salud animal.

The role of genetic variability on animal health

Convocatoria 2024

Período de ejecución: 2024-2025

Códigos: **AGR707/24** **15/A713**

NACT: Mejoramiento Genético Animal

Director: Corva, Pablo Marcelo. email: pcorva@mdp.edu.ar

Codirector: -

Resumen: La infección por el protozoo intracelular *Neospora caninum* es la principal causa de abortos en bovinos, generando grandes pérdidas económicas en la producción de carne y leche. No existen todavía vacunas o tratamientos efectivos contra el parásito y una potencial estrategia de control como es la selección de animales naturalmente más resistentes a la infección, aprovechando la variabilidad genética natural entre y dentro de razas bovinas, no ha sido aún estudiada en profundidad. Este proyecto implica un enfoque interdisciplinario para comprender la base genética de la respuesta inmune ante la infección por *Neospora caninum*. En un experimento se evaluará la respuesta inmune de terneras de las razas Holando Argentino y Criollo Argentino a través de la expresión génica diferencial en células de sangre periférica, siete días después de una inoculación endovenosa con un lisado de taquizoitos. La evaluación de expresión se hará por secuenciación masiva de ARNm de segunda generación (RNA-Seq). En un segundo experimento se hará un estudio de asociación con marcadores moleculares en genes destacados por su rol en la respuesta inmune celular. Se obtendrá ADN de alrededor de 2.000 vaquillonas Holando Argentino de un tambo particular con ocurrencia comprobada de abortos por neosporosis, que rutinariamente hace el análisis serológico para identificar hembras infectadas antes del primer servicio. Los marcadores a utilizar surgirán de estudios de asociación y de búsqueda de QTL, de estudios de expresión génica y de análisis bioinformáticos de alineación de genomas. Para la determinación de genotipos se evaluarán distintas opciones como la secuenciación de amplicones o el uso de metodologías alelo-específicas con sondas fluorescentes. Se espera generar conocimientos para guiar la selección de hembras menos susceptibles a la infección y ocurrencia de abortos.

Palabras claves:

Genómica, bovinos, *Neospora caninum*, expresión génica, marcadores moleculares

Summary: Infection by the intracellular protozoan *Neospora caninum* is the main cause of abortions in cattle, producing important economic losses in the beef and dairy industries. There are still no effective vaccines or treatments against the parasite, and a potential control strategy such as the selection of animals naturally more resistant to infection has not been fully studied. This project involves an interdisciplinary approach to understand the genetic basis of the immune response to *Neospora caninum* infection. In one experiment, the immune response of Holando Argentino and Criollo Argentino heifers will be evaluated through the analysis of differential gene expression (RNA-Seq) in peripheral blood cells, seven days after intravenous inoculation with a tachyzoite lysate. In a second experiment, a candidate gene analysis will be conducted, using DNA from around 2,000 Holando Argentino heifers from a private dairy herd with proven incidence of abortions due to



neosporosis. Markers on genes involved in cellular immune response will be selected from association and QTL mapping studies and differential gene expression studies. Targeted sequencing or allele-specific methodologies using fluorescent probes will be used for genotyping. The aim is to generate knowledge to guide the selection of females less susceptible to infection and abortion occurrences.

Integrantes:

Pardo, Alan Maxs (Docente investigador)

Fiorani, Franco (Docente investigador)

Campero, Lucía (Investigadora)