

Caracterizando elementos reguladores en animales de granja

Marina Naval*, Pamela A. Alexandre, Moira Menzies, Loan T Nguyen, Laercio Porto-Neto, Marina R.S. Fortes, Antonio Reverter

The University of Queensland. St Lucia 4072, Queensland, Australia
m.navalsanchez@imb.uq.edu.au (Corresponding Author)

La identificación y caracterización de elementos reguladores en animales de granja se muestra esencial para entender las bases genómicas de desarrollo, enfermedad, adaptación, y rasgos productivos de interés. El consorcio internacional “Functional Annotation of Animal Genomes” (FAANG) lidera el uso de técnicas experimentales para anotar el reguloma de animales de granja. Aun así, técnicas tales como ATAC-Seq – “Assay for transposase-accessible chromatin with sequencing” son sencillas de realizar en el laboratorio.

En esta charla muestro el uso de ATAC-seq en varios proyectos con diferentes especies de granja y ratón, así como con diferencias en tamaño del proyecto, desde tres tejidos y tres replicas biológicas a un proyecto con 23 líneas celulares en ratón y dos estadios de desarrollo - un total de más 200 muestras. Expongo diferencias en el análisis de datos ATAC-seq, pre-procesado, uso de diferentes secuenciadores y técnicas de análisis y software para la identificación de zonas reguladoras, así como la predicción y VALIDACION de los factores de transcripción controlando los perfiles epigenéticos.

Concretamente, en animales de granja expongo los resultados de ATAC-seq en una especie de gran relevancia económica en Australia, el vacuno de carne de la subespecie *Bos indicus*. El análisis se bases en tres tejidos, hígado, músculo e hipotálamo para los cuales identificamos como reguladores esenciales HNF4, Mef2 y SOX respectivamente. Las predicciones de sitios de unión y genes diana fueron VALIDADOS utilizando datos públicos de diversas especies. Finalmente, pongo en contexto regulación genómica y adaptación mostrando ejemplos de regiones reguladores afectadas por “selection sweeps” entre dos subespecies de vacuno, *Bos indicus* versus *Bos Taurus*. ¡La discusión sobre cómo incorporar la anotación genómica en mejora genética está servida!