

GGM 17

DESEQUILIBRIO DE LIGAMIENTO Y TAMAÑO EFECTIVO EN LOS OVINOS CRIOLLOS URUGUAYOS DEL PARQUE NACIONAL DE SAN MIGUEL

Pieruccioni F.¹, M. Saura², B. Villanueva², F. Macedo¹, G.C. Ciappesoni¹, E.A. Navajas¹. ¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Canelones, Uruguay. ²Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Madrid, España.
Email: florpieruccioni@gmail.com

El tamaño efectivo (N_e) es un parámetro muy importante en diferentes campos de la genética, especialmente en genética de la conservación, ya que brinda información sobre el patrón de diversidad genética presente en la población y permite estimar la consanguinidad. En base al desequilibrio de ligamiento (DL) calculado con información genómica se infiere el N_e ancestral y reciente en poblaciones sin información genealógica. El objetivo de este estudio fue estimar el N_e a partir del DL en los ovinos Criollos basado en la información que brinda el panel de 606 k SNP. El DL se calculó usando el coeficiente de correlación al cuadrado (r^2) entre pares de SNP para todos los pares de SNP sinténicos utilizando tamaños de ventana de 20 Mb. Para la estimación del N_e para cualquier generación en el pasado, se consideraron los r^2 entre pares de SNP para una distancia genética específica. A distancias cortas (SNP separados hasta 10 kb), el r^2 promedio fue de 0,43. Asimismo, el valor de r^2 disminuyó a la mitad a 0,26 Mb. Estos valores son más elevados en comparación con otras razas ovinas, debido a que se trata de una población que se ha mantenido aislada y por tanto los individuos están muy emparentados. El N_e estimado en la raza Criolla en el año de formación del rebaño, año 1937, fue de 58 animales y decreció un 23% en el presente. Estos resultados son consistentes y reflejan la historia del rebaño, el cual ha permanecido cerrado desde su fundación.

GGM 18

TRANSCRIPTOME ANALYSIS OF MOUSE SPERMATOGENESIS SHOWS UNDISCLOSED FEATURES OF MEIOTIC- AND POST-MEIOTIC-SPECIFIC GENE EXPRESSION

Rodríguez-Casuriaga R.¹, I. da Cruz², F.F. Santiñaque³, J. Farías⁴, G. Curti¹, C.A. Capiano¹, G.A. Folle^{3,5}, R. Benavente⁶, J.R. Sotelo-Silveira^{2,7}, A. Geisinger^{1,8}.

¹Department of Molecular Biology, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Montevideo, Uruguay.

²Department of Genomics, IIBCE. ³Flow Cytometry and Cell Sorting Core, IIBCE. ⁴Department of Proteins and Nucleic Acids, IIBCE. ⁵Department of Genetics, IIBCE. ⁶Department of Cell and Developmental Biology, Biocenter, University of Würzburg, Germany. ⁷Department of Cell and Molecular Biology, Facultad de Ciencias, Universidad de la República (UDELAR), Montevideo, Uruguay. ⁸Biochemistry-Molecular Biology, Facultad de Ciencias, UDELAR, Montevideo, Uruguay.

Email: r.rodriguezcasuriaga@gmail.com
adriana.geisinger@gmail.com

Spermatogenesis is a complex differentiation process that involves the execution of three different gene expression programs: mitotic proliferation of spermatogonia, meiosis, and spermiogenesis. Testicular cell heterogeneity has hampered its molecular analyses. Moreover, the characterization of the brief initial meiotic prophase stages (leptotene and zygotene, LZ) has remained elusive, despite their crucial importance. We have developed a flow cytometry-based approach to obtain highly pure spermatogenic cell populations, including LZ. Here we combined this methodology with RNAseq enabling the analysis of meiotic and postmeiotic gene expression signatures in mouse with unprecedented reliability. Interestingly, we found that a high number of genes involved in early as well as late meiotic processes are already on at early meiotic prophase, and many are expressed only during LZ. We observed a massive shift in gene expression patterns during mid meiotic prophase (pachytene, P) when mostly genes related to spermiogenesis and sperm function are already turned on. The transcriptional switch from meiosis to post-meiosis takes place at P, revealing a higher incidence of post-transcriptional regulation in spermatogenesis than previously reported. A good proportion of the differential gene expression in spermiogenesis corresponds to up-regulation of genes turned on at P, including transition protein- and protamine-coding genes. This work provides an overview of the time course for the massive onset and turning off of the meiotic and spermiogenic genetic programs.