

BIOTECHNOLOGY & OMICS TECHNOLOGIES

Biotechnología y Tecnologías Ómicas

BOT-185 Rev. Cientif. FCV-LUZ, XXXIII, SE, 157-158, 2023, <https://doi.org/10.52973/rcfcv-wbc035>

Performance of the Illumina GGP Bovine 100K SNP array for buffalo populations genotyping in Colombia

William Burgos-Paz^{1*}, Yolanda Gómez-Vargas²,
Edison J. Ramírez-Toro³

¹Corporación colombiana de investigación Agropecuaria-
AGROSAVIA. Centro de investigación Turipaná, Córdoba,
Colombia

²Centro de investigación Tibaitatá, Cundinamarca, Colombia

³Centro de investigación El Nus, Antioquia, Colombia

*Corresponding author: wburgos@agrosavia.co

ABSTRACT

The selection of buffaloes in Colombia is primarily based on the assessment of genetic merit or performance testing. Despite the availability of buffalo-specific genotyping tools, their cost limits routine implementation for genomic selection in the country. Therefore, we conducted an evaluation of single nucleotide polymorphism (SNP) arrays originally designed for cattle to determine their potential applicability in genetic evaluation of Colombian buffalo populations. Eight DNA samples from buffalo individuals belonging to the Murrah, Mediterranean, and crossbred genetic groups were genotyped using the Illumina Bovine HD770K Array. SNPs that overlapped with the GGP-HD150K and GGP-LD30K microarrays (Illumina) were specifically selected considering commercial chip availability. Subsequently, 24 additional samples were analyzed using the GGP Bovine 100K array. Allele segregation, heterozygosity, genetic structure, and genomic association to weight at 25 months were calculated. Out of the 734,240 identified SNPs, 86,521 (11.7%) exhibited uniform segregation in buffaloes across chromosomes ranging from 10.8% for Chr11 to 12.5% in Chr 12. By extracting segregating SNPs in HD770K from the GGP-HD150K and GGP-LD30K chips, we identified 15,169 and 3,311 markers, respectively. Analysis using the GGP Bovine 100K revealed 5,995 segregating SNPs, of which 42.01% had $H_o \leq 0.5$. On average, the observed heterozygosity in buffaloes was higher than cattle. Genetic structure among the three included genetic groups was successfully detected using 2,519 SNPs ($H_o \leq 0.5$). Moreover, 6 and 20 SNPs with FDR 0.05 and

Rendimiento del sistema Illumina GGP Bovine 100K SNP para el genotipado de poblaciones de búfalos en Colombia

William Burgos-Paz^{1*}, Yolanda Gómez-Vargas²,
Edison J. Ramírez-Toro³

¹Corporación colombiana de investigación Agropecuaria-
AGROSAVIA. Centro de investigación Turipaná, Córdoba,
Colombia

²Centro de investigación Tibaitatá, Cundinamarca, Colombia

³Centro de investigación El Nus, Antioquia, Colombia

*Autor de correspondencia: wburgos@agrosavia.co

RESUMEN

La selección de búfalos en Colombia se basa principalmente en la evaluación del mérito genético o pruebas de desempeño. A pesar de la disponibilidad de herramientas de genotipado específicas para búfalos, su costo limita la implementación rutinaria de la selección genómica en el país. Por lo tanto, llevamos a cabo una evaluación de matrices de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) diseñadas originalmente para ganado vacuno para determinar su potencial aplicabilidad en la evaluación genética de poblaciones de búfalos colombianos. Se genotiparon ocho muestras de ADN de individuos de búfalo pertenecientes a los grupos genéticos Murrah, Mediterráneo y mestizos utilizando el Illumina Bovine HD770K Array. Los SNP que se superpusieron con los microarrays GGP-HD150K y GGP-LD30K (Illumina) se seleccionaron específicamente considerando la disponibilidad de chips comerciales. Posteriormente, se analizaron 24 muestras adicionales utilizando la matriz GGP Bovine 100K. Se calculó la segregación de alelos, la heterocigosidad, la estructura genética y la asociación genómica con el peso a los 25 meses. De los 734.240 SNP identificados, 86.521 (11,7%) exhibieron una segregación uniforme en búfalos en todos los cromosomas que oscilaban entre el 10,8% para Chr11 y el 12,5% en Chr 12. Al extraer los SNP segregantes en HD770K de los chips GGP-HD150K y GGP-LD30K, identificaron 15.169 y 3.311 marcadores, respectivamente. El análisis utilizando GGP Bovine 100K reveló 5.995 SNP segregantes, de los cuales el 42,01% tenía $H_o \leq 0,5$. En promedio, la heterocigosidad observada en los búfalos

0.1 respectively, were associated with weight at 25 months. Notably, some of these SNPs located in genomic regions harboring genes such as SLC24A4 or RPUSD4 were previously reported associated with conformation traits or feed efficiency in cattle. Considering the current scenario, the cost-benefit ratio analysis favors use of the *GGP Bovine 100K* array, as an initial strategy to support genetic structure of the populations, parentage testing and future genomic evaluation trials in buffaloes.

Keywords: cost-benefit, genomic selection, heterozygosity, segregation.

fue mayor que en el ganado vacuno. La estructura genética entre los tres grupos genéticos incluidos se detectó con éxito utilizando 2519 SNP ($H_o \leq 0,5$). Además, 6 y 20 SNP con FDR 0,05 y 0,1 respectivamente, se asociaron con el peso a los 25 meses. En particular, algunos de estos SNP fueron ubicados en regiones genómicas que albergan genes como SLC24A4 o RPUSD4, previamente reportados asociados con rasgos de conformación o eficiencia alimenticia en ganado vacuno. Considerando el escenario actual, el análisis de relación costo-beneficio favorece el uso del array *GGP Bovine 100K* como estrategia inicial para sustentar la estructura genética de las poblaciones, pruebas de paternidad y futuros ensayos de evaluación genómica en búfalos.

Palabras clave: costo-beneficio, selección genómica, heterocigosidad, segregación.