

## CATÁLOGO COMPLETO DE VARIANTES REGULADORAS EN EL TRANSCRIPTOMA BOVINO

Liu<sup>1,4†</sup>, S., Gao<sup>1,5†</sup>, Y., Canela-Xandri<sup>3†</sup>, O., Wang<sup>6†</sup>, S., Yu<sup>4†</sup>, Y., Cai<sup>7</sup>, W., Li<sup>8</sup>, B., Pairo-Castineira<sup>3</sup>, E., D'Mellow<sup>3</sup>, K., Rawlik<sup>2</sup>, K., Xia<sup>2</sup>, C., Yao<sup>3</sup>, Y., Yan<sup>4</sup>, Z., Li<sup>1</sup>, C., Rosen<sup>1</sup>, B.D., Van Tassell<sup>1</sup>, C.P., Vanraden<sup>1</sup>, P.M., Zhang<sup>4</sup>, S., Ma<sup>5</sup>, L., Cole<sup>1</sup>, J.B., Liu<sup>1\*</sup>, J.E., Tenesa<sup>2,3\*</sup>, A. y Fang<sup>1,2,3\*</sup>, L.

<sup>1</sup>USDA, Beltsville, Maryland 20705, USA. <sup>2</sup>The Roslin Institute, The University of Edinburgh, Midlothian EH25 9RG, UK. <sup>3</sup>MRC Human Genetics Unit, The University of Edinburgh, Edinburgh EH4 2XU, UK.

<sup>4</sup>College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China.

<sup>5</sup>University of Maryland, College Park, Maryland 20742, USA. <sup>6</sup>Kunming Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Kunming, 650223, Yunnan, Chin. <sup>7</sup>Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Science, Beijing 1. 00193, China. <sup>8</sup>Scotland's Rural College (SRUC), Roslin Institute Building, Midlothian EH25 9RG, UK <sup>†</sup>Equal contribution; Albert.Tenesa@ed.ac.uk

### INTRODUCCIÓN

La caracterización de variantes genéticas reguladoras en el transcriptoma de los animales de producción es esencial para interpretar los mecanismos moleculares subyacentes a caracteres de valor económico y para aumentar la tasa de ganancia genética a través de la selección artificial.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Hemos generado un atlas de expresión de tejidos y genotipos en bovino (cGTEX, <http://cgtx.roslin.ed.ac.uk/>) basado en datos de 11,642 experimentos de RNA-seq disponibles públicamente para más de 100 tejidos.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La descripción de la estructura del transcriptoma bovino ha permitido describir miles de variantes genéticas en *cis* y *trans* asociadas con la expresión génica y el procesamiento alternativo de 24 tejidos. Evaluamos la especificidad / similitud de estos efectos reguladores genéticos entre tejidos y los anotamos funcionalmente utilizando una combinación de datos multiómicos. Finalmente, vinculamos la expresión génica en diferentes tejidos a 43 caracteres económicamente importantes utilizando un gran estudio de asociación global del transcriptoma, aportando nuevo conocimiento biológico sobre los mecanismos reguladores moleculares que sustentan los rasgos productivos en el ganado vacuno.

### CONCLUSIÓN

Nuestro trabajo proporciona una mejor comprensión de la arquitectura genética que sustenta los caracteres de valor económico y beneficiará a los programas de mejoramiento genético mediante la incorporación de conocimiento biológico en modelos de predicción genómica, y la mejora de la precisión entre generaciones y poblaciones.

**Agradecimientos:** Financiado por proyectos AFRI, referencias 2013-67015-20951, 2016-67015-24886, y 2019-67015-29321 del *USDA National Institute of Food and Agriculture Animal Genome and Reproduction Programs* y el proyecto BARD número US-4997-17 de la *Fundación US-Israel Binational Agricultural Research and Development (BARD)*; Proyectos del programa BBSRC BBS/E/D/10002070 y BBS/E/D/30002275, MRC MR/P015514/1; Premio HDR-UK HDR-9004; acuerdo de proyecto Marie Skłodowska-Curie No [801215]; MR/R025851/1. Agradecemos al proyecto *1000 Bull Genomes* los datos de secuenciación global, y al *Council on Dairy Cattle Breeding* los datos de genotipo, fenotipo y pedigree, y a Interbull por los datos de evaluaciones genéticas.