

DETECCIÓN DE REGIONES GENÓMICAS CON EFECTO PLEIOTRÓPICO EN CARACTERES DE CRECIMIENTO Y CALIDAD DE LA CANAL EN RUBIA GALLEGA

Martínez-Castillero¹, M., Then¹, C., Altarriba¹, J., Srihi¹, H., López-Carbonell¹, D., Díaz², C., Martínez³, P., Hermida³, M. y Varona¹, L.

¹Universidad de Zaragoza, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2). 50013, Zaragoza. ²Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria (INIA). 28040. Madrid. ³Universidade de Santiago de Compostela, 27002. Lugo; mmartinezcastillero@gmail.com

INTRODUCCIÓN

El esquema de mejora de la población Rubia Gallega utiliza caracteres medios en la propia explotación (peso al nacimiento -BW- y peso al destete -WW-) y en matadero (peso de la canal - CCW-, conformación -CON- y engrasamiento -FAT-). Recientemente, se ha comenzado a obtener datos genotípicos a escala genómica con el objetivo de complementar los procedimientos de valoración genética de reproductores con las predicciones obtenidas mediante una estrategia single-step (Legarra *et al.*, 2014). Este procedimiento permite describir las regiones del genoma asociadas a un mayor porcentaje de la variabilidad genética aditiva (Wang *et al.*, 2012). El objetivo de este estudio fue identificar regiones genómicas asociadas a la variabilidad genética en caracteres de crecimiento y de calidad de la canal mediante un análisis de asociación del genoma completo (GWAS) a partir de las valoraciones obtenidas mediante el procedimiento single-step.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se llevó a cabo un análisis de selección genómica single-step mediante software BLUPF90 y POSTGSF90 (Misztal *et al.*, 2018) usando una base de datos que incluía 327,350 registros para peso al nacimiento (BW), 83,818 para peso al destete (WW), 91,621 para peso de la canal (CCW), 91,609 para conformación de la canal usando la escala SEUROP (CONF) y 91,475 para engrasamiento (FAT). El pedigrí incluía 464,373 registros, de los cuales 2,449 habían sido genotipados con el chip *Affymetrix Axiom® Bovine*. Tras un filtrado estándar, se usaron 43,211 marcadores SNP. Se usaron las equivalencias entre los modelos GBLUP y SNPBLUP para obtener las soluciones de los efectos en los SNPs, con los que se calculó el porcentaje de varianza explicado por las regiones del genoma en ventanas de 1 Mb.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos nos permitieron identificar 7 regiones del genoma para CCW, 8 para BW, WW y FAT, y 9 para CONF que explicaban un porcentaje de varianza por encima del 0.5%. Algunas de las regiones del genoma identificadas demostraron tener efectos pleiotrópicos en al menos 3 de los caracteres analizados, y se localizaron en BTA1 (131-132 Mb), BTA2 (1-11), BTA3 (32-33), BTA6 (36-38), BTA15 (23-24), BTA16 (24-26) - BW, WW, CCW, CONF, FAT; BTA 20 (20-22), BTA 21 (56-57), BTA 23 (38-39). Estas regiones contienen, entre otros, los siguientes genes candidatos: *NCK1*, *MSTN*, *KCNA3*, *LCORL*, *NCAPG*, *BPNT1*, *SLC24A4* y *RNF144B*.

CONCLUSIÓN

Se han detectado varias regiones del genoma con efectos pleiotrópicos en los caracteres incluidos en el criterio de selección de la raza Rubia Gallega

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Legarra, A. *et al.* 2014. *Livest Sci.* 166:54.
- Misztal, I. 2018. Manual for BLUPF90 family of programs.
- Wang, H. *et al.* 2012. *Genet. Res.* 94:73.

Agradecimientos: Los autores agradecen a ACRUGA la cesión de los datos. Este trabajo ha sido financiado por el MAPA mediante la Encomienda de Gestión (EG17-167) al INIA y por el proyecto FEADER 2019/053A.