

## ANÁLISIS DE ASOCIACIÓN PARA POBLACIONES LEUCOCITARIAS EN CABRAS MURCIANO-GRANADINAS

Macri<sup>1,2\*</sup>, M., Amills<sup>3</sup>, M., Luigi-Sierra<sup>3</sup>, M.G., Landi<sup>4</sup>, V., Delgado<sup>2</sup>, J.V., Jordana<sup>6</sup>, J., Martínez<sup>2</sup>, A.  
<sup>1</sup>Animal Breeding Consulting S.L. Córdoba, 14071, España. <sup>2</sup>Departamento de Genética. Universidad de Córdoba, Córdoba, 14071, España. <sup>3</sup>Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, 08193, España. <sup>4</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Bari "Aldo Moro", 70010 Valenzano (BA), Italia. <sup>5</sup>Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193, España.  
\*martinamacri@hotmail.it

### INTRODUCCIÓN

Los parámetros de las poblaciones celulares sanguíneas o hemograma se consideran una de las principales herramientas de diagnóstico clínico, ya que pueden proporcionar información sobre el estado sanitario de un individuo (Weiss & Wardrop 2011). En el hemograma se consideran tres componentes celulares: eritrocitos, leucocitos y plaquetas. La Murciano-Granadina (MG) es la raza caprina lechera más importante de España tanto en censo como en producción lechera y quesera (Tosser-Klopp *et al.* 2014). Aunque se han realizado estudios hematológicos en diferentes razas de cabras, la raza MG ha sido poco caracterizada en este sentido. El objetivo de este trabajo es realizar un análisis de asociación genómica (GWAS) considerando 7 parámetros hematológicos en cabras MG.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se tomaron muestras de sangre de 1006 cabras MG y se midió los siguientes parámetros sanguíneos: (109/L) leucocitos, linfocitos, neutrófilos, monocitos, eosinófilos y basófilos. Dichas cabras se genotiparon con el Goat Beadchip 50K (Illumina). Se ha realizado un filtrado de los SNPs con el programa PLINK v 1.9 (Chang *et al.*, 2015) y se ha efectuado el análisis de asociación genómica (GWAS) tanto a nivel genoma-wide como a nivel chromosome-wide con el software GEMMA v 0.98.1 (Zhou & Stephens 2012). Finalmente, los p-values obtenidos para cada asociación fueron corregidos mediante el método False Discovery Rate (FDR).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este estudio se ha detectado 1 SNP significativo a nivel genómico localizado en el cromosoma 21 asociado a los eosinófilos (109/L). También se han hallado 17 SNPs significativos a nivel cromosómico asociados a: (109/L) leucocitos, linfocitos, neutrófilos, monocitos, eosinófilos y basófilos. Estos SNPs están localizados cerca de algunos genes, como son TSPAN3, PEAK1, LINGO1, ODF3L1, CSPG4, SNX33, IMP3, SNUPN o PTPN9, que están implicados en la adhesión celular, transporte de RNA, biogénesis de ribosomas, splicing complementario, replicación de ADN, fosforilación de proteínas, migración celular o endocitosis.

### CONCLUSIÓN

Los resultados obtenidos indican que las concentraciones de estas poblaciones celulares están determinadas a nivel genético en la cabra MG.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

•Chang, C.C. 2015. Gigascience. 4 • Tosser-Klopp, G 2014. PLoS One, vol. 9 • Weiss & Wardrop 2011. Schalm's veterinary hematolog •Zhou & Stephens 2012. Nature genetics, vol. 44.

**Agradecimientos:** Esta investigación ha sido financiada con el proyecto PID2019-105805RB-I00 (Ministerio de Ciencia e Innovación- Agencia Estatal de Investigación).