

## EVALUACIÓN GENÉTICA DE MASTITIS CLÍNICA EN VACUNO DE LECHE ESPAÑOL

Pérez-Cabal<sup>1\*</sup>, M.A., López-Paredes<sup>2,3</sup>, J., Cervantes<sup>1</sup>, I., Gutiérrez<sup>1</sup>, J.P. y Charfeddine<sup>2</sup>, N.

<sup>1</sup>Departamento de Producción Animal, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid, Spain;

<sup>2</sup>CONAFE, Confederación de Asociaciones de Frisona Española, 28340 Valdemoro, Spain;

<sup>3</sup>NOREL, S.A., 28007 Madrid, Spain

\*mapcabal@vet.ucm.es

### INTRODUCCIÓN

La selección por resistencia a mastitis en las vacas españolas se realiza de forma indirecta desde 2003 incluyendo el recuento de células somáticas (RCS) en el índice ICO. CONAFE registra datos de salud desde 2015, entre los que se encuentra la salud de ubre, mediante el proyecto I-SA (Charfeddine *et al.*, 2018) y trabaja en la implementación de la evaluación genética de caracteres de salud siguiendo las indicaciones de EuroGenomics (<https://www.eurogenomics.com/>). Los objetivos de este trabajo fueron estimar los parámetros genéticos de caracteres de mastitis clínica (MC) y RCS y comparar las valoraciones genéticas de los caracteres de MC obtenidos con análisis unicarácter y bicarácter (MC-RCS).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 6 caracteres diferenciados de MC y RCS, definidos por lactación (1, 2, y  $\geq 3$  lactaciones) y periodo de lactación ( $\leq 68$  días y  $> 68$  días), de acuerdo con el Golden Standard para la salud de ubre de EuroGenomics (EuroGenomics, 2022). El archivo final contenía 97.979 registros de 59.772 vacas en 262 rebaños. El pedigrí estuvo formado por 162.904 animales de 10 generaciones. La estimación de parámetros genéticos se realizó usando ASReml-R 4.2 (Butler *et al.*, 2023). La comparación de la evaluación unicarácter frente a la bicarácter se realizó mediante la correlación de Spearman entre valores genéticos (EBV) de 1.380 toros con al menos 10 hijas. La fiabilidad de los EBV se calculó con los errores estándar estimados usando metodología Bootstrap con 1.000 réplicas (Efron and Tibshirani, 1986).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los caracteres de MC presentaron una heredabilidad baja (0.01-0.05) mientras que la de los de RCS fueron más altas (0,06-0,16), como se esperaba. Las correlaciones genéticas estimadas entre los caracteres de MC y RCS también fueron acordes con la literatura y, además, confirmaron que el RCS es un buen indicador de MC hasta la segunda lactación. La fiabilidad de los EBV de MC de toros utilizando el análisis unicarácter se estimó entre el 6% y el 30%, mientras que añadiendo la información adicional de RCS, con mayor heredabilidad (21-52%), aumentó considerablemente, como también encontraron otros autores (Zavadilová *et al.*, 2020). A la vista de las correlaciones entre rankings de toros, los análisis bicarácter ayudan más a descartar los peores toros que a elegir los mejores.

### CONCLUSIÓN

Se recomienda hacer evaluaciones genéticas de MC utilizando un análisis multicarácter diferenciando caracteres entre MC en primera y segunda lactación, y por periodos de lactación (MC temprana, MC después del pico de lactación). Incluir la información del RCS en la primera lactación incrementa considerablemente la fiabilidad de los valores genéticos predichos para MC, aunque el ranking de toros pueda variar debido a la baja heredabilidad de los caracteres de MC.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Butler, D.G. *et al.* 2023. ASReml-R Reference Manual Version 4.2. VSN International Ltd., Hemel Hempstead, HP2 4TP, UK. • Charfeddine, N. *et al.* 2018. Book of Abstracts 69th EAAP Annual Meeting, Dubrovnik, Croatia, p 197. • Efron, B. y R. Tibshirani. 1986. Stat. Sci. 1: 54-75. • EuroGenomics. 2022. <https://www.eurogenomics.com/golden-standards.html> • Krzywicki, K. 1979. Meat Sci. 3: 1-9. • Zavadilová, L. *et al.* 2020. J. Anim. Sci. 65:463-472.

**Agradecimientos:** Los autores agradecen la financiación a los contratos FEI17/68 y 86/2021 UCM-CONAFE.