

ANÁLISIS GWAS PARA LA IDENTIFICACIÓN DE REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS A CARACTERES DE MORFOLOGÍA MAMARIA

Vrcan, M., Alonso-García*, M., Suárez-Vega, A., Marina, H., Pelayo, R., Fonseca, P.A.S., Arranz, J.J. y Gutiérrez-Gil, B.

Dpto. Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Campus de Vegazana, León (24007)

*maalg@unileon.es

INTRODUCCIÓN

Los caracteres de morfología mamaria son unos de los caracteres funcionales más importantes en ovejas lecheras por su relación con la aptitud al ordeño mecánico, su influencia sobre la incidencia de las patologías de la ubre, especialmente la mastitis, y por lo tanto sobre el bienestar animal (Labussière, 1988). También están relacionados con la longevidad funcional (Rostellato *et al.*, 2022). El objetivo del presente estudio fue la identificación de regiones genómicas, o QTL, asociados a los caracteres de morfología mamaria incluidos como objetivos de selección en el programa de cría de la raza Churra. Para ello se realizó un estudio de asociación a nivel genómico (GWAS) con datos generados con el Illumina OvineSNP50 BeadChip (50K SNP-chip).

MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio incluyó un total de 1.680 ovejas distribuidas en 16 familias de medio hermanas y los 16 padres correspondientes, todos machos de inseminación del Núcleo de Selección de la Asociación de Ganaderos de raza Churra (ANCHE). A partir del ADN obtenido para estos animales se obtuvieron genotipos con el 50K SNP-Chip, utilizándose como genoma de referencia el ARS-UI_Ramb_v2.0. Los fenotipos analizados fueron la profundidad de la ubre, la inserción de la ubre, la posición de los pezones, el tamaño de los pezones y la forma global de la ubre. Los datos fenotípicos brutos fueron obtenidos a través de las evaluaciones rutinarias realizadas por ANCHE. El análisis GWAS se realizó con el software GCTA (Yang *et al.*, 2011), en el que como variables dependientes se utilizaron las *Yield Deviations* (YDs), estimadas como promedios de los registros fenotípicos brutos ajustados por los efectos fijos y permanentes (Vanraden y Wiggans, 1991). Para cada asociación significativa identificada, se definió un intervalo de confianza (CI) como el segmento genómico de 250 Kb de longitud centrado en el SNP significativo. Para los CIs, y usando el programa GALLO (Fonseca *et al.*, 2020), se realizó la anotación de genes y QTL, y un análisis de enriquecimiento de QTL teniendo en cuenta la información disponible públicamente en AnimalQTLdb (Zhi-Liang *et al.*, 2013).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se detectaron 31 asociaciones significativas, dos de las cuales alcanzaron el nivel de significación *genome-wise* al 5 %. La comparación de nuestros resultados con QTLs previamente descritos para caracteres de mama o de resistencia a mastitis en ovejas no mostró coincidencias interesantes. El contraste con los estudios descritos en ganado vacuno, mucho más numerosos para estos caracteres, permitió identificar numerosas correspondencias, siendo las más interesantes las que implicaron al QTL significativo a nivel *genome-wise* en OAR16 para el carácter posición de los pezones (Durán *et al.*, 2017; Collis *et al.*, 2012). De los 322 genes candidatos posicionales incluidos en los CIs definidos, la comparación con una lista de genes candidatos de referencia (Suárez-Vega *et al.*, 2015; Marete *et al.*, 2018) identificó dos posibles candidatos funcionales: *ASS1* y *PDE1A*, el primero de los cuales está relacionado con la morfogénesis y ramificación del tejido epitelial (Marete *et al.*, 2018).

CONCLUSIÓN

Estos resultados podrían, en el caso de ser confirmados en una población independiente, ser utilizados para aumentar la eficacia de la selección para caracteres de morfología mamaria en la raza Churra.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Collis, E. *et al.* 2012. *Anim Genet.* 43: 442-6.
- Durán, M. *et al.* 2017. *J Anim Breed Genet.* 134: 49-59.
- Fonseca, P.A.S. *et al.* 2020. *GigaScience.* 9:149.
- Marete, A. *et al.* 2018. *PLoS One.* 13: e0199931
- Rostellato, R. *et al.* 2022. In 12th WCGALP (comm 13_002)
- Suárez-Vega, A. *et al.* 2015. *PLoS One.* 10: e0126416
- VanRaden, P.M. & Wiggans, G.R. 1991. *J Dairy Sci.* 74: 2737-46
- Yang, J. *et al.* 2011. *The Am J H Genet.* 88:76-82
- Zhing-Liang, H. *et al.* 2013. *Nucleic Acids Res.* 41: D871-9.

Agradecimientos: Alonso-García, M. disfruta de una beca predoctoral de la Junta de Castilla y León y el Fondo Social Europeo. Fonseca, P.A.S es beneficiario de Beca María Zambrano de la Universidad de León, financiada por el Ministerio de Universidades y por la Unión Europea-Next Generation EU.