

# **Análisis de asociación de genoma completo de caracteres relacionados con el perfil hematológico de cabras de la raza Murciano-Granadina.**

*M. Macri<sup>1,2</sup>, M. Amills<sup>3,4</sup>, M. G. Luigi-Sierra<sup>3</sup>, J. Fernández<sup>5</sup>, D. Guan<sup>3</sup>, J. V Delgado<sup>2</sup>, A. Martínez Martínez<sup>2</sup>*

<sup>1</sup>*Animal Breeding Consulting S.L. Parque Científico Tecnológico de Córdoba, Córdoba, 14014, España [martinamacri@hotmail.it](mailto:martinamacri@hotmail.it).*

<sup>2</sup>*Departamento de Genética. Universidad de Córdoba, Campus Universitario de Rabanales, Carretera Madrid-Cádiz K. 395 Córdoba, 14014, España.*

<sup>3</sup>*Centre de Recerca Agrigenòmica (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193, España.*

<sup>4</sup>*Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193, España.*

<sup>5</sup>*Asociación Nacional de Criadores de Caprino de Raza Murciano-Granadina (CAPRIGRAN), 18340 Granada, España.*

## **Resumen**

El hemograma constituye una de las principales herramientas de diagnóstico clínico, ya que proporciona información sobre el estado sanitario de un animal y su susceptibilidad a sufrir enfermedades infecciosas. En el hemograma se consideran tres componentes celulares: eritrocitos, leucocitos y plaquetas. Aunque se han realizado estudios hematológicos en diferentes razas de cabras, se desconocen los factores genéticos que determinan la abundancia de las distintas poblaciones sanguíneas. El objetivo de este trabajo es realizar un análisis de asociación de genoma completo (GWAS) en una población de 1001 cabras Murciano-Granadinas, una de las principales razas lecheras de España, que han sido genotipadas con el Goat SNP50 BeadChip (Illumina) y para las cuales se han obtenido registros correspondientes a 13 parámetros hematológicos. Concretamente, se han medido los siguientes fenotipos: recuento de hematíes (HEMAT), contenido de hemoglobina corpuscular media (HCM), concentración de hemoglobina corpuscular media (CHCM), distribución de glóbulos rojos (RDW), volumen corpuscular medio (VCM), hematocrito (HTC), contenido de hemoglobina (HB); recuento de leucocitos (LEUC), recuento de linfocitos (LINFO), recuento de neutrófilos (NEU), recuento de monocitos (MONO), recuento de eosinófilos (EO) y recuento de basófilos (BASO). Se ha llevado a cabo un filtrado de los SNPs con el programa PLINK v 1.9, obteniendo un total de 47,084 SNP válidos. El análisis de asociación se ha realizado con el software GEMMA v 0.98.1 y se ha implementado una corrección para pruebas múltiples con el método False Discovery Rate (FDR). Mediante esta aproximación, se han detectado 2 SNPs significativos a nivel genómico, localizados en el cromosoma 21 (18-19 Mb), y que están asociados con 4 caracteres hematológicos: HCM, CHCM, HTC y HEMAT. Los dos SNP mencionados anteriormente están situados muy cerca del gen del Grupo I de Complementación FA (FANCI). Esta molécula participa en la reparación del ADN y su inactivación conduce a la anemia de Fanconi, un síndrome caracterizado por una insuficiencia de la médula ósea, anemia aplásica y trastornos congénitos. Por otra parte, se han encontrado 44 asociaciones significativas a nivel cromosómico para diversos parámetros sanguíneos, identificando varios genes candidatos involucrados en la fisiología y el metabolismo de los eritrocitos, así como en la inmunidad. Estos resultados indican que la variación fenotípica de

los caracteres hematológicos en las cabras está regulada, al menos en cierta medida, por determinantes genéticos distribuidos en múltiples cromosomas.

*Palabras clave: anemia, GWAS, marcadores moleculares, células sanguíneas*