

Asociación de genoma completo en los caracteres morfológicos de la Raza Pirenaica.

M. Ramírez¹, D. López-Carbonell¹, J. Altarriba¹, H. Shiri¹ & L. Varona¹

¹Facultad de Veterinaria, Instituto Agrolimentario de Aragón (IA2). Universidad de Zaragoza. 50013 Zaragoza, Spain; mvz.ramirezmauricio@gmail.com

Resumen

En vacuno de carne, la valoración morfológica tiene un indudable interés como predictor temprano de la conformación y longevidad, entre otros caracteres de interés económico. En este trabajo se pretende identificar las regiones del genoma asociadas con la variabilidad genética aditiva de los caracteres incluidos en la valoración morfológica de la raza Pirenaica. Para este estudio se dispuso de 16,346 valoraciones morfológicas para caracteres relacionados con Desarrollo Muscular (Anchura de la Cruz, Anchura del Dorso, Espesor de Lomo, Redondez de la Nalga, Anchura de la Nalga y Longitud de la Nalga), Desarrollo Esquelético (Altura de la Cruz, Longitud del Dorso, Longitud de la Pelvis, Anchura Interiliaca, Anchura Interisquiática, Anchura Interocantérica), Aptitudes Funcionales (Anchura del Hocico, Vista Delantera y Lateral de los Aplomos Delanteros, Vista Delantera y Trasera de los Aplomos Traseros, Profundidad de Pecho, Rectitud del Dorso, Inclinación de la Pelvis), Caracteres Raciales (Capa, Mucosas, Cabeza, Cuernos, Armonía, Color de Cuernos y Pezuñas), Condición Corporal, Grosor de las Cañas, Docilidad, Forma de las Pezuñas, Profundidad de la Ubre y Grosor de los Pezones. Todas las valoraciones morfológicas fueron efectuadas por controladores entrenados en una escala de 1 a 10. Además, se dispuso de la genealogía proporcionada por CONASPI que consistió en 35,167 animales genéticamente relacionados con los individuos valorados y con el genotipado mediante el Axiom Bovine Genotyping v3 Array de 828 animales. Después del filtrado se utilizaron los genotipos para 31,509 SNP correspondientes a 755 individuos. Además del efecto genético aditivo, el modelo incluyó los efectos sexo, edad del animal, controlador y rebaño. Esta información se utilizó para implementar un *WssGWAS* mediante un procedimiento iterativo con los programas *airemlf90* y *postGSf90*. Se estimó la varianza explicada por ventanas de 12, 36 y 60 pares de bases y de 1, 3 y 5 Mb. Además, el sesgo asociado a la densidad y estructura del dispositivo de genotipado se corrigió mediante un procedimiento de MonteCarlo descrito en estas mismas jornadas. Los resultados fueron heterogéneos para cada uno de los caracteres analizados, pero se detectaron 6 regiones pleiotrópicas que explicaron una proporción relevante de la varianza genética aditiva en más de tres caracteres. Por ejemplo, en el cromosoma 2 en torno a la sexta Mb se encuentra una región que explica variabilidad de Anchura de la Cruz, Redondez de Nalga y Desarrollo Muscular Total. Además se han detectado otras regiones en el cromosoma 2 (Mb 8 para Cabeza, Armonía y Caracteres Raciales), en el cromosoma 5 (Mb 57 para Anchura de la Cruz, Color y Profundidad de la Ubre), en el 6 (Mb 63 para Anchura de la Nalga, Anchura Interiliaca, Desarrollo Esquelético y Grosor de Cañas), en el 14 (Mb 26 para Puntuación Final, Espesor de Lomo, Redondez de la Nalga, Longitud de la Nalga, Desarrollo Muscular, Longitud del Dorso, Longitud de la Pelvis, Desarrollo Esquelético, Profundidad de Pecho) y en el cromosoma 21 (Mb 52 para Desarrollo Muscular, Anchura Intratrocantérica, Anchura Interisquiática y Espesor del Lomo).

Palabras Clave: Vacuno, Asociación de Genoma Completo, Raza Pirenaica, Morfología.