

# Identificación de regiones pleiotrópicas asociadas a caracteres de fertilidad en la raza Avileña-Negra Ibérica

C. Meneses<sup>1,2</sup>, MJ. Carabaño<sup>1</sup>, C. González<sup>1</sup>, A. Hernández-Pumar<sup>1,2</sup> & C. Díaz<sup>1</sup>

<sup>1</sup> CSIC-INIA, Ctra. De la Coruña, km 7,5. 28040. Madrid. España, <sup>2</sup> Asociación Española de Raza Avileña-Negra Ibérica, C/Padre Tenaguillo, 8.05004. Ávila, España  
[cdiaz@inia.csic.es](mailto:cdiaz@inia.csic.es)

## Resumen

La fertilidad es la medida del éxito reproductivo en una ganadería y como tal, es el primer factor condicionante de los ingresos de las explotaciones ganaderas. En los últimos años, ésta ha sido objeto de estudio de la raza Avileña-Negra Ibérica (ANI). Desde el año 2020, la asociación de criadores de esta raza, ha incorporado un su programa de mejora genética los caracteres de edad al primer parto (EPP) e intervalo entre el primer y segundo parto (IP<sub>1-2</sub>), valorados bajo un modelo animal bi-carácter. La estima de parámetros genéticos para estos dos caracteres indica una correlación genética entre ellos entre baja y moderada. La teoría dice que la base de una correlación genética puede ser bien la pleiotropía o el desequilibrio de ligamiento generado por la selección. Así el objetivo de este estudio es la búsqueda de regiones pleiotrópicas para los caracteres de fertilidad EPP e IP<sub>1-2</sub> en la raza ANI.

Para el estudio fue empleada la información de los caracteres reproductivos y de genotipos utilizada en las valoraciones genéticas de ANI. En total, se contó con datos de EPP e IP<sub>1-2</sub> de 32.906 hembras, y 2.180 genotipos del chip Axiom<sup>TM</sup> Bovine Genotyping v3, de los cuales 1.411 eran de hembras con dato. El número de SNP por genotipo tras el filtrado de calidad fue de 38.387 SNP. Primeramente, se realizó un análisis con el método single-step BLUP usando el software BLUPf90, con modelos independientes por carácter y un modelo bi-carácter. Posteriormente se realizó un análisis de asociación (GWAS) con el software PostGSf90 para cada uno de los dos escenarios (uni vs bi-carácter) obteniendo las soluciones de los SNPs y las varianzas explicadas por ventanas de 5 SNPs adyacentes. Se establecieron los umbrales de búsqueda de marcadores en 0.2% de varianza explicada.

Aplicando el umbral establecido, bajo el modelo uni-carácter se encontraron 27 marcadores en EPP y 15 en IP<sub>1-2 no</sub>, sin hallar comunes para ambos caracteres. Por el contrario, en el modelo bi-carácter, los marcadores comunes a ambos caracteres por encima del umbral fueron 11, repartidos en los chr 2 (1 SNP), 11 (3 SNPs) y 20 (7 SNPs). Cuando analizamos, la extensión del desequilibrio de ligamiento alrededor de los marcadores identificados en el modelo bi-carácter, observamos que los marcadores que habían dado una señal para uno u otro carácter en los modelos uni-carácter se encontraban a una distancia de 3kbp para el chr 2, a 29kbp en el chr 11 y a 10.5kbp en el chr 20, es decir, en una distancia donde el desequilibrio de ligamiento medio en ANI es alto (mayor de 0.3).

Los resultados obtenidos en el modelo bi-carácter hablarían de la existencia de pleiotropía como la base genética de la correlación genética, sin embargo, los modelos uni-carácter apoyarían la teoría del desequilibrio de ligamiento. Se ha detectado una tendencia genética a reducir la EPP lo que respaldaría este segundo argumento. Hay que seguir profundizando en estos resultados con un mayor número de genotipos de hembras con dato fenotípico, lo que nos permitirá ganar más poder de test y quizás dilucidar el origen de la correlación.

*Palabras clave: Fertilidad, pleiotropía, GWAS.*