

Estudio de asociación de genoma completo para identificar los determinantes genéticos de la resistencia/susceptibilidad a la agalaxia en cabras de la raza Murciano-Granadina

M. Macri^{1,2*}, M. Amills^{3,4}, M. G. Luigi-Sierra³, J. V Delgado², A. Canales¹, A. Noce³, C. de la Fe⁵, J. Fernández⁶, A. Martínez Martínez²

¹Animal Breeding Consulting S.L. 14014-Córdoba, España.

²Universidad de Córdoba, 14071-Córdoba. España.

³CRAG, CSIC-IRTA-UAB-UB, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193-Bellaterra.

⁴Universitat Autònoma de Barcelona, 08193-Bellaterra. España.

⁵Universidad de Murcia, 30100 Murcia. España.

⁶Asociación Nacional de Criadores de Caprino de Raza Murciano-Granadina (CAPRIGRAN), 18340-Granada. España.

* Corresponding autor: martinamacri@hotmail.it

Resumen

La agalaxia contagiosa caprina es una enfermedad infecciosa causada por cuatro especies de *Mycoplasma* (M), *M. agalactiae*, *M. mycoides subsp capri*, *M. putrefaciens*, y *M. capricolum subsp. capricolum*. Los síntomas característicos de la agalaxia contagiosa son la mastitis, la queratoconjuntivitis y la poliartritis. También pueden producirse abortos, septicemia, metritis, vaginitis y neumonía en las cabras infectadas, aunque de forma más esporádica. Las tasas de mortalidad suelen ser elevadas, alcanzando el 100% y el 40-50% en individuos jóvenes y adultos, respectivamente. Una vez establecida, la agalaxia contagiosa es muy difícil de erradicar debido a la existencia de portadores asintomáticos que diseminan la enfermedad. Uno de los métodos que permite diagnosticar la presencia del patógeno es la PCR multiplex en tiempo real combinada con cultivo. Para este estudio hemos utilizado los resultados obtenidos mediante PCR a tiempo real para realizar un estudio de asociación de genoma completo (GWAS) caso-control en 420 cabras de la raza Murciano-Granadina, una de las principales razas lecheras de España, que han sido genotipadas con el Goat SNP50 BeadChip (Illumina). Se ha llevado a cabo un filtrado de los SNPs con el programa PLINK v 1.9, obteniendo un total de 49,205 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, no se ha detectado ningún SNPs asociado significativamente a nivel genómico. Por otra parte, se han encontrado 3 asociaciones significativas a nivel cromosómico, identificando varios genes que pueden ser involucrados en con los mecanismos de patogenicidad del *Mycoplasma* como en la resistencia/susceptibilidad a la enfermedad.

Keywords: caprino, GWAS, marcadores moleculares, Mycoplasma spp.