

Desentrañando la base genética del defecto de cuello de ciervo en el caballo Pura Raza Española: una perspectiva genómica.

Nora Laseca^{1*}, Antonio Molina², Chiraz Ziadi², María Ripollés-Lobo¹, Arancha Rodríguez-Sainz de los Terreros³, Mercedes Valera¹

¹Departamento de Agronomía, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica (ETSIA), Universidad de Sevilla, Ctra. Utrera Km 1, 41013, Sevilla.

²Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Ctra. Madrid Km396, 14014, Córdoba.

³Real Asociación Nacional de Criadores de Caballos Pura Raza Española, Cortijo de Cuarto, 41014, Sevilla.

* nlaseca@us.es

Resumen

Los defectos conformacionales del cuello tienen una elevada relevancia funcional y económica en la cría equina, especialmente en razas como el Pura Raza Española (PRE). Entre ellos, el *cuello de ciervo* es uno de los defectos de conformación más frecuente, altera la correcta inserción y musculatura cervical, afecta a la biomecánica del movimiento y puede comprometer el rendimiento deportivo y el bienestar animal. Pese a su importancia en los programas de selección y a su consideración como defecto descalificante en el libro genealógico, la arquitectura genética subyacente al *cuello de ciervo* no ha sido caracterizada en profundidad a nivel genómico. En este contexto, los enfoques de asociación genómica integrando información genealógica y molecular representan una herramienta clave para profundizar en la arquitectura genética del *cuello de ciervo* y aportar información útil para su control mediante selección genómica.

El objetivo de este estudio fue identificar regiones genómicas asociadas con el *cuello de ciervo* mediante un estudio de asociación del genoma completo (GWAS). Para ello, se llevó a cabo un análisis ssGBLUP (*single-step genomic best linear unbiased prediction*) evaluando el *cuello de ciervo* de 68.131 caballos PRE cuyos registros se obtuvieron durante la evaluación de aptitud básica para la reproducción entre 2012 y 2025. Se dispuso de información genómica de 7.660 caballos genotipados con el chip EQUIGENE 90K. Tras el control de calidad (*call rate* > 0,95, frecuencia alélica mínima > 0,01 y eliminación de los marcadores del ADN mitocondrial y del cromosoma Y), se conservaron 78.080 SNPs. El defecto *cuello de ciervo* se definió como un rasgo categórico ordinal, clasificándose en cinco clases según la gravedad del defecto (ausencia de defecto, defecto leve, grave, muy grave y defecto descalificante). Los componentes de varianza y los valores genéticos estimados se calcularon mediante inferencia bayesiana utilizando el *software GIBBSF90+*, y el análisis GWAS se realizó mediante el paquete *POSTGSF90*.

En la población estudiada, el 74,97% de los animales no presentó ningún defecto en el cuello, mientras que el 25,03% mostró algún grado de afectación, predominando los defectos leves (20,89%). Los defectos de mayor severidad fueron poco frecuentes, con un 3,68% de casos graves y muy graves y un 0,46% clasificados como descalificantes. La heredabilidad estimada fue moderada ($h^2=0,23$), evidenciando una base genética sustancial y una posible respuesta a la selección genética. El GWAS identificó nueve regiones genómicas relevantes, cada una de las cuales explicó más del 1% de la varianza genética aditiva del rasgo y que, en conjunto, representaron el 11,43% de dicha varianza. Estas regiones se localizaron en los cromosomas equinos 3, 11, 15, 18, 19 y 30, e incluyen genes candidatos (*MYH15*, *COL8A1*, *ADD1*, entre otros) implicados en el desarrollo del sistema musculoesquelético y la organización de la matriz extracelular y el tejido conectivo, lo que respalda su implicación biológica en la determinación de la conformación del cuello.

Estos hallazgos suponen un avance en la comprensión genética del *cuello de ciervo* y constituyen un primer paso hacia la aplicación de estrategias de selección genómica para el control de este defecto conformacional en el caballo Pura Raza Española.

Keywords: Cuello de ciervo, defecto morfológico, equino, GWAS, Pura Raza Española, single-step genomic BLUP

Agradecimientos: Los autores agradecen a la Real Asociación Nacional de Criadores de Caballos de Pura Raza Española (ANCCE) su colaboración y la cesión de las muestras biológicas y los datos fenotípicos empleados en este estudio.