



**LIBRO DE RESÚMENES**

**XVI REUNIÓN DE MEJORA  
GENÉTICA ANIMAL**

**Ciudadella de Menorca**



## ORGANIZADORES



## PATROCINADORES



## COLABORADORES



## COMITÉ ORGANIZADOR

M <sup>a</sup> Dolores Gómez Ortiz	A.C.P.C.Raza Menorquina
Mercedes Valera Córdoba	MERAGEM-Universidad de Sevilla
Antonio Molina Alcalá	MERAGEM-Universidad de Córdoba
Ester Bartolomé Medina	MERAGEM-Universidad de Sevilla
Gabriel Arguimbau Capó	A.C.P.C.Raza Menorquina
Damián Moll Benejam	A.C.P.C.Raza Menorquina
Frans Mercadal Conde	A.C.P.C.Raza Menorquina
Antoni Bagur Moll	A.C.P.C.Raza Menorquina
Miquel Allés Capó	A.C.P.C.Raza Menorquina
Misericordia Ramón Juanpere	Universitat de les Illes Balears
Marina Solé Berga	MERAGEM-Universidad de Sevilla
M <sup>a</sup> José Sánchez Guerrero	MERAGEM-Universidad de Sevilla

## COMITÉ CIENTÍFICO

M <sup>a</sup> Dolores Gómez Ortiz	A.C.P.C.Raza Menorquina
Mercedes Valera Córdoba	Universidad de Sevilla
Antonio Molina Alcalá	Universidad de Córdoba
Agustín Blasco Mateu	Universidad Politécnica de Valencia
Isabel Cervantes Navarro	Universidad Complutense de Madrid
Juan M. Serradilla Manrique	Universidad de Córdoba
Jesús Fernández Martín	Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria - INIA
Luis Varona Aguado	Universidad de Zaragoza
Juan José Arranz Santos	Universidad de León
Noelia Ibáñez Escriche	Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries - IRTA
Luis Royo Martín	Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario - SERIDA

## PRESENTACIÓN

Entre los días 31 de mayo y 2 de Junio de 2012, se va a celebrar en Ciutadella de Menorca la XVI Reunión Nacional de Mejora Genética Animal, organizada y coordinada por la Asociación de Criadores y Propietarios de Caballos de Raza Menorquina, en colaboración con el Departamento de Biología (área de genética) de la Universidad de las Islas Baleares y el Grupo de Investigación MERAGEM. Esta es la primera vez que una entidad del sector productivo, como es una Asociación de Criadores, asume las labores de coordinación y organización de este evento.

Esta reunión constituye un punto de encuentro de gran importancia e interés en el que se dan a conocer todos los avances científicos y tecnológicos que se están desarrollando en el campo de la Mejora Genética en nuestro país, permitiendo el intercambio de conocimientos y de experiencias entre los diferentes equipos de investigadores que trabajan en este área. Es precisamente este intercambio el objetivo principal de esta Reunión, en la que se pretende poner al servicio de todos los asistentes el conocimiento de los participantes para incrementar el rendimiento real de nuestras investigaciones en base a las experiencias previas en los diferentes campos, así como crear lazos y uniones de trabajo que favorezcan el desarrollo de las tareas científicas. Sin embargo, también es muy importante no olvidar que todos los conocimientos que se adquieran y las experiencias y estudios que se realicen sobre nuestra Razas deben volcarse directamente al sector productivo de cada una de las especies para que realmente sean útiles y cumplan su función.

Gracias a las diferentes aportaciones realizadas por los investigadores inscritos a esta Reunión y a la valiosa contribución de los ponentes invitados, en ella se van a abarcar distintos aspectos metodológicos de la genética para su aplicación en el desarrollo de los programas de mejora de las diferentes razas existentes en España, la estimación de los parámetros genéticos en variables de interés para el sector productivo y el desarrollo de herramientas que favorezcan y potencien la conservación de las razas en peligro de extinción.

El Comité Organizador de este evento quiere agradecer a todas las personas asistentes y sus acompañantes por su contribución al desarrollo de esta Reunión, así como a los diferentes patrocinadores y colaboradores por su importante apoyo para el desarrollo de la misma en una época de crisis como la que estamos viviendo. Sin todos vosotros nunca hubiera sido posible.

Esperamos que disfrutéis al máximo de estos días en la Isla de Menorca, que os empapéis de su cultura, os sumerjáis en sus tradiciones, conozcáis sus razas y podáis conservar un buen recuerdo de la XVI Reunión de Mejora Genética Animal para siempre.

¡Bienvenidos y muchas gracias!

M<sup>a</sup> Dolores Gómez Ortiz  
Presidente del Comité Organizador





## PROGRAMA

### SESIÓN I. GENÉTICA CUANTITATIVA.

Moderador: Juan Manuel Serradilla Manrique.

Día: 31 de mayo. Horario: 16:30-17:45 y 18:05-19:30

**Estudio de la influencia de la interacción jinete-animal en la disciplina de Salto de Obstáculos mediante comparación de modelos de Repetibilidad y Multicarácter.**

Bartolomé, E., Menéndez-Buxadera, A., Cervantes, I., Molina, A., Valera, M.

**Selección divergente por varianza residual del tamaño de camada en conejos.**

Blasco, A., García, M.L., Muelas, R., Argente, M.J.

**Selección divergente para grasa intramuscular en conejos.**

Blasco, A., Zomeño, C., Hernández, P.

**Influencia de razas parentales en el rendimiento deportivo de razas equinas cruzadas: Determinación de la combinación racial óptima en el rendimiento deportivo de la disciplina de Concurso Completo de Equitación.**

Cervantes, I., Bartolomé, E., Valera, M., Gutiérrez, J.P., Molina, A.

**Selección económica por productividad de la hembra en la raza Rasa Aragonesa.**

de Paz-del Río, R., Jurado, J.J., González-Recio, O., Alenda, R.

**Modelos recursivos no lineales para caracteres de peso en vacuno pirenaico.**

González-Rodríguez, A., Altarriba, J., Moreno, C., Varona, L.

**Tendencias en un experimento de selección en ratones. Claves para la aplicación satisfactoria de la canalización.**

Gutiérrez, J.P., García-Ballesteros, S., Pun, A., Pérez-Cabal, M.A., Cervantes I.

**Genetic parameters estimation for cumulative productivity in Retinta beef cattle throughout the different ages of the cow by random regression model.**

Morales, R., Menéndez-Buxadera, A., Jiménez, J.M., Salado, F., Molina, A.

**Estimación de parámetros genéticos en dorada (*Sparus aurata* L.) para caracteres de interés industrial – PROGENSA.**

Navarro, A., Manchado, M., Estévez, A., Ramis, G., Montero, I.L., Ponce, M., Sánchez, J.A., Armero, E., Negrín-Báez, D., Puertas, M.A., Borrell, Y., García, M., Sánchez, J.J., Crespo, A.M., Blanco, G., Mariadolores, E., Zamorano, M.J., Martín, N., Aguilera, C., Roo, F.J., Toro, M.A., Afonso, J.M.

**Consecuencias de la impronta en los modelos de evaluación genética.**

Varona, L., Casellas, J., Moreno, C., Altarriba, J.



## Estudio de la influencia de la interacción jinete-animal en la disciplina de Salto de Obstáculos mediante comparación de modelos de Repetibilidad y Multicarácter.

Bartolomé, E., Menéndez-Buxadera, A., Cervantes, I., Molina, A., Valera, M.

Presenta: Ester Bartolomé Medina

El objetivo de este estudio fue comparar los valores de los componentes de la varianza calculados mediante modelos de Repetibilidad y modelos Multicarácter, para la disciplina de Salto de Obstáculos, considerando la importancia de la inclusión de la interacción jinete-caballo en los modelos de evaluación genética equina. Para este estudio se analizaron un total de 11.352 participaciones, pertenecientes a 1085 caballos agrupados en función de su edad (4, 5 o 6 años de edad). Se compararon 2 modelos animales de Repetibilidad (A y B) y 4 modelos Multicarácter (C, D, E y F). Para los modelos animales de Repetibilidad hemos considerado los resultados obtenidos por el animal en cada edad como el mismo rasgo, mientras que para los modelos Multicarácter los hemos considerado como caracteres diferentes, aunque correlacionados entre sí. Para ambos tipos de modelos, se han incluido la edad, el sexo, el nivel de estrés, el orden de salida y el nivel de entrenamiento como efectos fijos, mientras que el animal, el ambiente individual permanente, el concurso y el jinete se han incluido como efectos aleatorios. Los seis modelos se compararon incluyendo o no la interacción jinete-animal como factor aleatorio y, sólo para los modelos Multicarácter, se compararon teniendo en cuenta o no una varianza residual heterogénea. Los valores de heredabilidad de los modelos de Repetibilidad oscilaron entre 0,056 del modelo B (con interacción jinete-animal) a 0,101 del modelo A (sin interacción jinete-animal), mientras que los valores de los modelos Multicarácter mostraron diferencias entre los grupos de edad, siendo los grupos de 5 y 6 años los que mostraron valores de heredabilidad más altos. Los resultados oscilaron entre una  $h^2$  de 0,069 del modelo F para 4 años (con interacción jinete-animal y una varianza residual heterogénea), y 0,170 del modelo E para 5 años (sin interacción jinete-animal y una varianza residual heterogénea). La inclusión de la interacción jinete-animal implica una disminución media en los valores de heredabilidad y repetibilidad del 44,6% y 26,9% para los modelos de Repetibilidad y del 26,9% y 27,5% para los modelos Multicarácter. Los resultados mostraron, por un lado, que existen diferencias entre edades, de manera que los mejores individuos según sus resultados a una edad determinada no serán los mejores en los demás grupos de edad; y por otro, que la no inclusión de la interacción jinete-animal en los modelos de evaluación genética de los équidos participantes en pruebas de Salto de Obstáculos produce una diferencia considerable en el cálculo de los valores genéticos de los animales, lo que podría disminuir la respuesta genética de esta población equina.

## Selección divergente por varianza residual del tamaño de camada en conejos.

Blasco, A., García, M.L., Muelas, R., Argente, M.J.

Presenta: Agustín Blasco

Un experimento de selección divergente por variación residual del tamaño de camada se llevó a cabo en conejos. La varianza residual del tamaño de la camada ( $V_e$ ), fue estimada como la varianza fenotípica del tamaño de la camada de cada coneja después de corregir los tamaños de la camada por los efectos del año estación y estado de lactación (nulípara, lactante y no lactante). La presión de selección en las hembras fue aproximadamente el 30% en cada línea.





Los machos fueron elegidos dentro de las familias de padre a fin de evitar la consanguinidad. Cada línea divergente tuvo aproximadamente 125 hembras y 25 machos por generación. Los caracteres analizados fueron:  $V_e$ , el mismo carácter sin pre-corriger el tamaño de camada ( $V_r$ ), y el tamaño de la camada al nacimiento. Cinco generaciones de selección fueron analizadas mediante métodos bayesianos. La diferencia entre líneas ( $D$ ), fue de 0.65 gazapos al cuadrado para  $V_e$  en la primera generación, con una probabilidad de ser positiva  $P(D>0)=97\%$ . Esta diferencia se mantuvo constante durante dos generaciones y aumentó a partir de la cuarta generación de selección. En la quinta generación,  $D = 1.12$  con  $P(D>0)=100\%$ . El mismo comportamiento mostró  $V_r$ . Hubo una respuesta correlacionada en el tamaño de la camada, de forma que aumentó el tamaño de camada al reducirse la varianza residual,  $D = -0.63$  gazapos con  $P(D>0)=100\%$ .

### Selección divergente para grasa intramuscular en conejos.

Blasco, A., Zomeño, C., Hernández, P.

Presenta: Pilar Hernández Pérez

El objetivo de este estudio fue evaluar la respuesta genética en un experimento de selección divergente por contenido en grasa intramuscular (IMF) y determinar la respuesta correlacionada en caracteres de calidad de la canal y de la carne. En este estudio se utilizaron datos de dos generaciones de selección. Las líneas tuvieron aproximadamente 8 machos y 40 hembras cada una por generación. La selección se basó en el valor promedio de IMF del m. Longissimus (LM) de dos hermanos sacrificados a las 9 semanas de edad. Se registraron los siguientes caracteres: Peso vivo (LW), peso de la canal (caliente, refrigerada, y de referencia), peso de la grasa escapular y de la perirrenal, proporción de carne y hueso de la pata posterior, pH de LM, color ( $L^*$ ,  $a^*$ ,  $b^*$ ) de la canal y del LM. El contenido de IMF se midió por NIRS. Se analizaron los datos utilizando la metodología bayesiana. La diferencia entre líneas ( $D$ ) para el contenido de la IMF en la segunda generación de selección fue 0.11 g/100 g, con una probabilidad de ser positiva  $P(D>0)=100\%$ . Esto representa una respuesta directa total a la selección del 9,8% de la media del carácter, obtenida un 6,8% en la primera generación y un 3% en la segunda. Hubo una respuesta correlacionada negativa en peso vivo ( $P(D<0)=1$ ), peso de la canal ( $P(D<0)=0.98$ ) y peso del tejido adiposo (este último con evidencia más débil,  $P(D<0)=0.91$ ), con valores más altos en la línea de baja IMF. No hubo evidencia de cambios en el color, así como en el pH ni en la proporción de carne/hueso.

### Influencia de razas parentales en el rendimiento deportivo de razas equinas cruzadas: Determinación de la combinación racial óptima en el rendimiento deportivo de la disciplina de Concurso Completo de Equitación.

Cervantes, I., Bartolomé, E., Valera, M., Gutiérrez, J.P., Molina, A.

Presenta: Isabel Cervantes Navarro

El Caballo de Deporte Español (CDE) es una raza fundada en 2002 constituida a partir de cruces de multitud de razas españolas y extranjeras. Uno de los usos a los que se destina esta raza es la participación en la disciplina hípica de Concurso Completo de Equitación, que combina 3 tipos



de ejercicios: doma clásica, salto de obstáculos y recorrido de Cross. A su vez, en las *pruebas de selección de caballos jóvenes* (pruebas en las que se realizan con controles de rendimientos oficiales en équidos) incluyen además una evaluación morfológica y una evaluación subjetiva de la aptitud del animal al cross. Los criadores buscan, con los cruzamientos entre razas, conseguir animales que obtengan buenos resultados en los diferentes tipos de ejercicios. El objetivo del estudio ha sido estimar la influencia de las principales razas parentales sobre el valor genético individual de los animales, calculando además una contribución genética óptima de las razas parentales para cada uno de los caracteres evaluados. En este trabajo se ha utilizado 2660 registros derivados de pruebas de selección de caballos jóvenes pertenecientes a 210 animales CDE. Se ha calculado la contribución genética de las 6 poblaciones parentales principales del CDE: Pura Raza Español (PRE), Pura Raza Árabe (A), Pura Sangre Inglés (PSI), Selle Français (SF), razas Alemanas (G) y razas Holandesas (H). Los valores genéticos fueron predichos utilizando modelos BLUP univariados. Con el objeto de separar la posible aptitud combinatoria de los valores genéticos aditivos, la contribución de las razas parentales fue incluida en el modelo de valoración como covariable (lineal y cuadrática). Se incluyeron también las interacciones dobles entre contribuciones genéticas. La contribución genética óptima de cada raza para obtener el mejor rendimiento se calculó utilizando una metodología simplex. La mejor combinación para el ejercicio de conformación fue 51% PRE y 49% H, en la aptitud para el cross fue 23% PRE y 77% H, para la doma clásica 48% SF y 52% H y para salto de obstáculos 64% A y 36% H. Para el ejercicio de cross el mejor rendimiento se obtuvo utilizando un 100% de contribución genética de razas holandesas. Los mejores animales reales están 7.2, 2.9, 2.9, 3.6 y 5.1 desviaciones estándar por debajo de las soluciones encontradas maximizando la función. La combinación de genes de dos poblaciones parece ser la mejor opción para la mayoría de los caracteres.

### **Selección económica por productividad de la hembra en la raza Rasa Aragonesa.**

de Paz-del Río, R., Jurado, J.J., González-Recio, O., Alenda, R.

Presenta: Raquel de Paz del Río

El objetivo de este trabajo fue elaborar un modelo bio-económico para el estudio del margen bruto en la raza ovina Rasa Aragonesa, con el fin de determinar los caracteres de interés económico, y realizar un índice de selección que mejorase la productividad de las hembras. Se calcularon los valores y los pesos económicos, para lo cual se utilizaron los datos de 48 ganaderías, recopilados entre los años 1995 y 2011, y facilitados por la Cooperativa Oviaragón. El beneficio medio que se obtuvo fue de 27,08 €/oveja y año, incluyendo los 43,93 €/oveja y año de subvención. Se obtuvo un valor económico de -0,15 €/oveja y año para el intervalo entre partos, de 0,06 €/oveja y año para el número de partos totales, de 81,73 €/oveja y año para la prolificidad y de -0,002 €/oveja y año para la edad al primer parto. Los pesos económicos con respecto a la prolificidad fueron de  $-5,42 \cdot 10^{-6}$  €/oveja y año para el intervalo entre partos,  $3,08 \cdot 10^{-4}$  para el número de partos totales y  $-1,23 \cdot 10^{-6}$  para la edad al primer parto. Se estimaron las heredabilidades y correlaciones genéticas entre todos los caracteres utilizando métodos bayesianos. Las medias de las distribuciones posteriores para la heredabilidad del intervalo entre partos, el número de partos, la prolificidad y la edad al primer parto fueron 0,03, 0,13, 0,06 y 0,05, respectivamente. Además, las mayores correlaciones genéticas fueron entre el número de



partos y el intervalo entre partos (-0,79), y entre el intervalo entre partos y la edad al primer parto (0,62). Por último, utilizando la teoría de los índices de selección, se calculó la importancia relativa de cada carácter dentro del índice, dando como resultado que el intervalo entre partos supone un 30%, el número de partos un 3%, la prolificidad un 59% y la edad al primer parto un 8%.

### **Modelos recursivos no lineales para caracteres de peso en vacuno pirenaico.**

González-Rodríguez, A., Altarriba, J., Moreno, C., Varona, L.

Presenta: Aldemar González Rodríguez

El incremento del peso de la canal es uno de los objetivos de selección en vacuno de carne. Generalmente como criterio de selección se utilizan pesos vivos a lo largo de diferentes etapas de crecimiento, bajo la hipótesis de una correlación genética alta y positiva con el peso al sacrificio. Sin embargo, la presencia de crecimiento compensatorio puede reducir la habilidad predictiva de los pesos previos. En este sentido, los modelos recursivos pueden suponer una interesante alternativa para comprender la relación genética y fenotípica entre distintos pesos a lo largo del crecimiento. Para ello, se llevaron a cabo tres análisis diferentes donde se estudiaron peso a los 120 días (P120) y a los 210 días (P210), P120 y peso de la canal fría (PCAN), por último P210 y PCAN en vacuno Pirenaico. El número de datos disponible por cada análisis fue 8,592, 4,648 y 3,234, respectivamente. Además, se incluyó un pedigrí compuesto por 56,323 individuos. El modelo estadístico incluyó sexo, estación de nacimiento, rebaño y matadero, más una dependencia recursiva entre caracteres. Esta dependencia fue modelada como un polinomio de hasta cuarto grado y fue comparado usando logCPO. Los resultados de la comparación de modelos sugirieron que el mejor modelo fue el polinomio de tercer grado para los análisis P120-P210 y P120-PCAN y de segundo grado para P210-PCAN, indicando además una relación no lineal entre caracteres. La media posterior estimada para las heredabilidades tuvo un rango entre 0.29 y 0.44. Sin embargo, la media posterior estimada para las correlaciones genéticas entre pesos previos y pesos posteriores condicionados a los primeros fue nula o muy baja, mostrando que la relación entre caracteres estaba casi totalmente capturada por la dependencia recursiva. Estos resultados implican que los pesos a edades tempranas tienen una baja habilidad predictiva sobre el comportamiento posterior de los mismos y refuerzan la importancia de la utilización del PCAN en animales emparentados para la evaluación de individuos en el plan de mejora de vacuno de carne.

### **Tendencias en un experimento de selección en ratones. Claves para la aplicación satisfactoria de la canalización.**

Gutiérrez, J.P., García-Ballesteros, S., Pun, A., Pérez-Cabal, M.A., Cervantes I.

Presenta: Juan Pablo Gutiérrez García

La modificación de la variabilidad ambiental por selección sigue considerándose hoy un reto. La metodología desarrollada para trabajar con variabilidad ambiental puede ser ensayada mediante experimentos de selección en especies de intervalo generacional corto que nos permiten analizar el comportamiento de las nuevas metodologías en cortos espacio de tiempo y con bajo coste. Se



han analizado los datos de 18 generaciones de un exitoso experimento de selección para aumentar la ganancia de peso entre los 21 y 42 días de edad en ratones. Los parámetros genéticos estimados en esta población proporcionan un valor de correlación genética entre el carácter y su variabilidad ambiental de -0.19, lo que supone una fuerte tendencia genética correlacionada negativa que debería haberse traducido en una fuerte disminución de la varianza fenotípica del carácter al reducir la varianza ambiental en aproximadamente un 80%. En este trabajo se analizan las distintas componentes de la tendencia fenotípica del carácter distribuyéndola en genética, debida a camada o debida al efecto generación. Observamos que una modificación relevante de la varianza fenotípica sólo será posible cuando se conjugan diferentes situaciones. En concreto, dicha modificación será favorecida cuando la componente de varianza ambiental represente un elevado porcentaje de la varianza fenotípica, y la correlación genética entre el carácter y su variabilidad favorezca la selección de la varianza ambiental en el sentido deseado.

### **Genetic parameters estimation for cumulative productivity in Retinta beef cattle throughout the different ages of the cow by random regression model.**

Morales, R., Menéndez-Buxadera, A., Jiménez, J.M., Salado, F., Molina, A.

Presenta: Rosa M<sup>a</sup> Morales Cid

En este trabajo se han estimado los parámetros genéticos para la variable *productividad acumulada a lo largo de la vida productiva* de la vaca Retinta. Dicha variable definida como "kilogramos de ternero destetado por año de vida de la reproductora" recoge las principales variables de importancia económica del sector de vacas madres (edad primer parto, intervalo entre partos, fertilidad, supervivencia del ternero y crecimiento hasta el destete). Para la estimación de los parámetros a lo largo de la vida productiva de la vaca se utilizó un enfoque longitudinal a través de un modelo de regresión aleatoria. Para ello se escogieron aquellas explotaciones del núcleo de control cárnico de la raza Retinta con un nivel de conexión genética más fuerte y unos historiales reproductivos y productivos más completos. Después de la depuración de los datos, se analizaron finalmente 5.972 partos de un número total de 1.680 vacas y 129 machos de la raza Retinta pertenecientes a 14 ganaderías. La heredabilidad media estimada ha sido de 0,385 muy superior al valor de este parámetro para algunos de los caracteres reproductivos de los que depende. La estimación de la heredabilidad a lo largo de toda la vida productiva de la vaca Retinta mostró en todos los casos valores elevados siguiendo una evolución en forma de polinomio de segundo grado con máximo a los 3 años de 0,542 y un mínimo a los 9 años de 0,268, para volver a subir hasta 0,411 a los 14 años. La evolución de la correlación genética entre la productividad acumulada de las reproductoras a diferentes edades nos muestra que el poder predictivo de dicha productividad es bajo a edades tempranas, siendo más elevado conforme se va incrementando la edad. Se ha detectado la existencia de una elevada variabilidad genética para este carácter y por lo tanto amplias posibilidades de mejora genética, encontrándose claras diferencias genéticas entre la curva de productividad de las reproductoras analizadas. Gracias a ello se abre la posibilidad de decidir el grado de amortización que más nos interese, bien un sistema con reposición más acelerada, en el que se pueden conseguir progresos genéticos mayores, seleccionando animales más productivos en los primeros años de vida, o bien sistemas menos intensivos de reposición, que permiten un menor



coste de amortización de los animales y vidas productivas más largas, aun a costa de presentar una menor tasa de progreso genético. Por lo tanto este tipo de información permite a los ganaderos y técnicos seleccionar los animales que más se adaptan a su sistema productivo y puede proporcionar beneficios nada despreciables para el programa de mejora de esta raza.

### **Estimación de parámetros genéticos en dorada (*Sparus aurata* L.) para caracteres de interés industrial – PROGENSA.**

Navarro, A., Manchado, M., Estévez, A., Ramis, G., Montero, I.L., Ponce, M., Sánchez, J.A., Armero, E., Negrín-Báez, D., Puertas, M.A., Borrell, Y., García, M., Sánchez, J.J., Crespo, A.M., Blanco, G., Mariadolores, E., Zamorano, M.J., Martín, N., Aguilera, C., Roo, F.J., Toro, M.A., Afonso, J.M.

Presenta: Ana Navarro y Guerra del Rio

La dorada (*Sparus aurata* L.) es la especie marina más importante de la acuicultura española y europea, en cuyo sistema de producción la mejora genética está escasamente implementada. En parte, debido al coste económico que supone la organización de la producción con criterios genéticos, a la falta de metodología que permita su integración y a las características biológicas propias de la especie. En este estudio, se ha protocolizado la metodología que permite la integración de la selección genética bajo los condicionantes propios del sistema de producción de dorada poniéndola en práctica a nivel nacional en colaboración con 6 empresas españolas. Se criaron peces procedentes de tres lotes industriales (ICCM: Canarias, CULMASUR S.A.: Andalucía, PISCIMAR S.L.: Cataluña), marcados con *PIT* y mezclados, en las instalaciones de cuatro centros de investigación y cuatro empresas (ICCM y CANEXMAR S.L.: Canarias; IFAPA y PINSA: Andalucía; IRTA y CULTIMAR S.A.: Cataluña, IMIDA y ATUNEROS DEL MEDITERRÁNEO: Murcia). Se realizaron muestreos de crecimiento de manera simultánea en las 4 comunidades autónomas, además de un muestreo final a talla de sacrificio donde se valoraron nuevas e importantes variables fenotípicas, tras unificar criterios. Para la determinación de las relaciones parentales-filiares se pusieron a punto nuevas múltiplex PCR con microsatélites del mapa de dorada. Como resultado, ha sido posible estimar parámetros genéticos para caracteres de crecimiento, rendimiento, calidad del pez y de la carne a talla de ración.

### **Consecuencias de la impronta en los modelos de evaluación genética.**

Varona, L., Casellas, J., Moreno, C., Altarriba, J.

Presenta: Luis Varona Aguado

La evaluación genética mediante modelos mixtos se ha convertido en la herramienta básica de la mejora genética en ganadería. El modelo más habitual incluye efectos varios sistemáticos, un efecto genético aditivo y un residuo. Sin embargo, la variabilidad genética de muchos caracteres fenotípicos puede estar determinada por efectos maternos y paternos, como los potencialmente ligados a la impronta paterna y materna. Los modelos de evaluación genética deben intentar capturar todas las potenciales fuentes de variabilidad genética. Por lo tanto, un modelo completo de análisis debe incluir efectos genéticos aditivos directos, atribuidos al propio individuo, y efectos genéticos parentales, potencialmente causados por la impronta. Sin embargo, cuando existe impronta parcial, se originan covarianzas entre efectos directos y parentales que no



pueden ser inferidos a partir de la información fenotípica y genealógica. Dado que el modelo completo no puede ser asumido, el objetivo de este estudio es analizar las consecuencias del hecho de ignorar algunos de los efectos genéticos (directos, maternos o paternos) en términos de estimación de componentes de varianza y de predicción de los valores mejorantes. Para ellos se han utilizado datos de simulación y de vacuno de carne (Pirenaica, Rubia Gallega y Blanca), bajo diferentes escenarios. Los datos, tanto reales como simulados, se analizaron mediante una aproximación bayesiana con varios modelos que incluyen: a) efecto genético aditivo directo, b) Efectos directos y paternos, c) Efectos directos y maternos, d) Efectos paternos y maternos, e) Efectos directos, paternos y maternos sin correlación entre ellos. La conclusión del estudio indica que los efectos paternos y maternos pueden jugar un papel relevante en algunos caracteres de importancia en producción animal. Además, su ausencia en los modelos de evaluación genética puede producir estimaciones sesgadas de los componentes de varianza y clasificaciones incorrectas de los candidatos a la reproducción. En particular, la no inclusión en el modelo de análisis de efectos paternos de cierta magnitud puede inducir a una estimación de una fuerte covarianza negativa entre efectos directos y maternos.



## SESIÓN II. GENÓMICA I.

Moderador: Juan José Arranz Santos.

Día: 1 de junio. Horario: 9:00-11:15.

### ¿Qué diferencias hay entre los cerdos domésticos y los jabalíes?

**Ponente invitado.** Albano Beja-Pereira. CIBIO-InBIO. Universidad de Porto.

#### Construcción de redes génicas para el metabolismo lipídico en porcino

Aznárez, N., Cánovas, A., Hernández, J., Amills, M., Pena, R.N., Quintanilla, R.

#### Comparación del transcriptoma de longissimus dorsi de lechones Ibéricos puros y cruzados Duroc x Ibérico

Benítez, R., Fernández, A., Fernández, A.I., Rodríguez, M.C., Isabel, B., Rey, A., López-Bote, C., Silió, L., Óvilo, C.

#### Caracterización y evaluación del gen porcino *elongation of very long chain fatty acids 6* como gen candidato funcional y posicional para caracteres de calidad de la carne en cerdos

Corominas, J., Ramayo-Caldas, Y., Pérez-Montarelo, D., Noguera, J.L., Folch, J.M., Ballester, M.

#### Identificación de regiones QTL para la composición de ácidos grasos: análisis comparativo en grasas dorsal e intramuscular en cerdo

Muñoz, M., Rodríguez, M.C., Alves, E., Folch, J.M., Ibáñez-Escriche, N., Silió, L., Fernández, A.I.

#### Variación individual en la resistencia al virus del Síndrome Respiratorio y Reproductivo porcino en cerdos Duroc y Landrace x Large White

Pena, R.N., Prat, E., Estany, J., Fraile, L.

#### Estudio de la región promotora del gen de la leptina y su relación con caracteres productivos en porcino

Pérez-Montarelo, D., Fernández, A., Noguera, J.L., Folch, J.M., Fernández, A.I.

#### Análisis de la expresión de los genes Fatty acid-binding protein 4 y Fatty acid-binding protein 5 porcinos y su asociación con la composición de ácidos grasos

Puig-Oliveras, A., Castelló, A., Gago M., Ramayo-Caldas, Y., Corominas, J., Ibáñez-Escriche, N., Muñoz, M., Folch, J.M.

#### Expresión del gen esteroil-coA desaturasa y desaturación de la grasa intramuscular en porcino

Ros-Freixedes, R., Pena, R.N., Tor, M., Estany, J.



Efecto del tipo genético, de la selección por grasa intramuscular y de la localización anatómica del tejido, sobre la composición en aminoácidos de la carne

Tor, M., Vilaró, F., Ros-Freixedes, R., Reixach, J., Estany, J.





## ¿Qué diferencias hay entre los cerdos domésticos y los jabalíes?

### How different are domestic pigs from wild boars?

**Ponente invitado.** Albano Beja-Pereira. CIBIO-InBIO. Universidad de Porto.

How many genetic changes are needed to turn a wild boar into a domestic pig? The search for identifying such genetic changes that differentiate livestock species from their wild ancestors and an understanding of the evolutionary processes involved have increasingly become one of the major research themes in the fields of animal genetics and breeding. The co-existence of wild and domestic pigs across Eurasia provides a unique opportunity to conduct comparative genetic or genomic analyses for addressing how genetically different is a domestic species from its wild ancestor. During my lecture, I will present the results obtained from a project, which applied high density SNPchips to investigate genome-wide diversity, admixture and footprints of selection in several wild boar population, local and cosmopolitan domestic pig populations (*Sus scrofa*). Finally, I will describe the identification of the genomic regions (i.e., chromosome segments) responsible for the major differences between wild and domestic pigs.

### Construcción de redes génicas para el metabolismo lipídico en porcino

Aznárez, N., Cánovas, A., Hernández, J., Amills, M., Pena, R.N., Quintanilla, R.

Presenta: Nitdia Aznárez Aloy

El metabolismo lipídico porcino es un sistema complejo de gran importancia en producción animal puesto que agrupa numerosos caracteres relacionados con la salud animal, el rendimiento de la canal, y la calidad tecnológica, sensorial y nutricional de la carne (Wood et al., 2008). El estudio de las redes génicas a partir de los datos masivos de expresión permite profundizar en el conocimiento de los mecanismos moleculares reguladores de estos fenotipos complejos. Hasta la fecha, son escasos los estudios de redes génicas en especies ganaderas (*e.g.* Hudson et al., 2009; García-Gámez et al., 2011) y en particular en porcino (*e.g.* Gao et al., 2010; Li et al., 2010). En todos los casos, estos trabajos abordan el estudio de redes para un número limitado de genes que muestran asociaciones funcionales con algún fenotipo. Adicionalmente, tal y como destacan Rosa et al. (2011), las redes fenotípicas establecidas a partir datos de expresión pueden resultar de gran ayuda para entender el comportamiento de este sistema complejo ante intervenciones externas como pudiera ser un proceso de selección. En el presente trabajo se aborda la construcción y el estudio de las redes genéticas y fenotípicas implicadas en la variación conjunta de diez caracteres relacionados con el metabolismo lipídico y la deposición de grasa. Para ello, se han utilizando datos masivos de expresión génica en hígado obtenidos mediante la tecnología de *microarrays*.



## Comparación del transcriptoma de longissimus dorsi de lechones Ibéricos puros y cruzados Duroc x Ibérico

Benítez, R., Fernández, A., Fernández, A.I., Rodríguez, M.C., Isabel, B., Rey, A., López-Bote, C., Silió, L., Óvilo, C.

Presenta: Rita María Benítez Yáñez

En la producción de cerdo ibérico, los dos tipos genéticos mayoritarios (Ibérico y cruzado Duroc x Ibérico) presentan diferencias importantes en el crecimiento muscular y adipogénesis desde estadios muy tempranos del desarrollo. El objetivo de este trabajo ha sido evaluar el perfil de expresión genómica del músculo de ambos tipos genéticos, con el fin de identificar genes responsables de sus distintos patrones de crecimiento y engrasamiento. Se generaron familias contemporáneas de cerdos Ibéricos de la estirpe Torbiscal en pureza (10 familias) y procedentes del cruzamiento con verracos Duroc (3 familias). Al destete (28 días de edad) se sacrificaron 14 lechones de cada tipo genético. La composición del músculo *l. dorsi* presentó diferencias importantes en porcentaje de grasa intramuscular (6% en Ibéricos vs 4.2% en cruzados,  $P < 0.01$ ) así como en su contenido de ácidos grasos saturados y monoinsaturados. Se extrajo ARN a partir de muestras de *l. dorsi*, que se utilizó para la hibridación con el microarray de expresión *Porcine Genechip* (Affymetrix). Los datos se normalizaron y filtraron utilizando el software *BRB array tools*. El análisis estadístico de los genes diferencialmente expresados identificó 196 genes DE (FDR=0.10), 72 sobreexpresados en Ibéricos y 124 sobreexpresados en cruzados. La magnitud de las diferencias de expresión osciló entre 1.2X y 4.9X. Entre los genes sobreexpresados en los cruzados encontramos algunos con influencia directa sobre el desarrollo muscular como *IGF2* y genes de colágenos e integrinas. Entre los sobreexpresados en Ibérico identificamos genes relacionados con metabolismo lipídico (*ME1*, *ELOVL6*) y proteólisis (caspasas, catepsinas, proteínas relacionadas con ubiquitinación). La interpretación funcional de los genes DE mostró enriquecimiento de funciones biológicas estrechamente relacionadas con el desarrollo y adipogénesis del tejido muscular: *organización de la matriz extracelular*, *adhesión celular*, *desarrollo y diferenciación de células musculares*, y *metabolismo lipídico*. Se identificaron potenciales factores de transcripción (FT) responsables de la regulación de los procesos afectados por el tipo genético, mediante el cálculo de los parámetros RIF1 y RIF2 (*regulatory impact factors*) para los 310 FT incluidos en las sondas filtradas del array. Los resultados han permitido identificar 15 FT con valores tipificados extremos de RIF1 y/o RIF2. Entre ellos encontramos FT con efecto conocido sobre el desarrollo muscular (*MSTN*, *SIX4*), adipogénesis (*CEBPD*), o sobre procesos específicos de la matriz extracelular (*MAX*, *MXI1*), así como otros FT no relacionados previamente con éstos (*PER*, *ZNF277*). La correlación entre la expresión de estos FT y los genes DE presenta notables diferencias entre ambos tipos genéticos.



## Caracterización y evaluación del gen porcino *elongation of very long chain fatty acids 6* como gen candidato funcional y posicional para caracteres de calidad de la carne en cerdos

Corominas, J., Ramayo-Caldas, Y., Pérez-Montarelo, D., Noguera, J.L., Folch, J.M., Ballester, M.

Presenta: Jordi Corominas Galbany

El gen *Elongation-of-very-long-chain-fatty-acids protein 6 (ELOVL6)* pertenece a la familia de las elongasas (*ELOVLs*), las cuales codifican para enzimas implicadas en la elongación de los ácidos grasos. *ELOVL6* es la única elongasa relacionada con la lipogénesis *de novo* y cataliza la primera reacción del proceso de elongación de ácidos grasos saturados y monoinsaturados de 12-16 carbonos, formando ácidos grasos de 18 carbonos. En porcino, el gen *ELOVL6* está localizado en el *SSC8*, en la región de un QTL (*Quantitative Trait Locus*) detectado en un cruce Ibérico x Landrace (IBMAP) con efecto en la composición de los ácidos grasos palmítico (C16:0) y palmitoleico (C16:1(n-7)) en músculo. El objetivo principal de este trabajo ha consistido en la evaluación del gen *ELOVL6* porcino como gen candidato funcional y posicional para este QTL. Con el fin de caracterizar el gen *ELOVL6* porcino, se secuenció la región promotora proximal y la región codificante del gen, identificándose 7 polimorfismos en el promotor proximal y una mutación sinónima en el exón 4. Los polimorfismos en la región promotora no afectan a los lugares de unión de factores de transcripción importantes para la expresión del gen. No obstante, tras el estudio de expresión mediante RT-qPCR, se observaron diferencias de expresión en hígado y tejido adiposo, dos tejidos implicados en el metabolismo de los ácidos grasos. La clasificación de los animales en función del genotipo del marcador INRA0030422, el más significativamente asociado con el contenido de palmítico y palmitoleico en músculo, permitió observar una menor expresión de *ELOVL6* en animales con alelos de origen Ibérico en relación a los alelos Landrace. Una disminución de la expresión repercutiría sobre el balance de ácidos grasos de 16 y 18 carbonos: aumentando los porcentajes de C16s y disminuyendo los porcentajes de C18s. Al comparar la expresión con la información fenotípica de ácidos grasos, se observó, tal y como se esperaba, un incremento de los porcentajes de C16s en los animales con alelos Ibéricos en comparación con los animales que recibieron alelos Landrace. Además, la expresión de *ELOVL6* está correlacionada positivamente con la disminución del ratio de actividad de elongación C18:0/C16:0 y C18:1(n-7)/C16:1(n-7) en los animales con alelos Ibéricos. Por último, se realizó un estudio de asociación entre los datos de expresión de *ELOVL6* y los genotipos de *SNPs* distribuidos por todo el genoma porcino (chip *Porcine SNP60 BeadChip de Illumina*), identificándose regiones que afectan a la expresión del gen en hígado en los cromosomas *SSC4*, *SSC5* y *SSC9* y para la expresión en tejido adiposo en los cromosomas *SSC2* y *SSC12*. En estas regiones se han detectado genes candidatos posicionales que pueden tener un efecto sobre la regulación del gen *ELOVL6* en los correspondientes tejidos. Este estudio nos permite obtener una primera visión de la importancia del gen *ELOVL6* en el metabolismo de los ácidos grasos.



## Identificación de regiones QTL para la composición de ácidos grasos: análisis comparativo en grasas dorsal e intramuscular en cerdo

Muñoz, M., Rodríguez, M.C., Alves, E., Folch, J.M., Ibáñez-Escriche, N., Silió, L., Fernández, A.I.

Presenta: María Muñoz Muñoz

La base genética de la composición de ácidos grasos en grasas intramuscular (GIM) y dorsal (GD) ha sido analizada en diversos trabajos, sin embargo, en la mayoría limitados a un único tejido. El objetivo del presente estudio consistió en la identificación de regiones QTL comunes y específicas para la composición de ácidos grasos en GD y GIM en animales procedentes de un retrocruce F1 (Ibérico x Landrace) x Landrace. Para ello se utilizaron los porcentajes de 15 ácidos grasos (AG) medidos en ambas grasas y los genotipos obtenidos con el PorcineSNP60 BeadChip de los 157 animales con registros y de sus 63 ascendientes. Del total de los SNPs contenidos en el chip, 8.417 uniformemente distribuidos a lo largo de los 18 autosomas fueron utilizados en el análisis. Los resultados del análisis por separado de cada tejido permitieron identificar 10 QTLs ( $q\text{-value} < 0.05$ ) para AG en GD localizados en los cromosomas 4, 8, 12, 14 y 17, y 16 QTLs ( $q\text{-value} < 0.05$ ) para AG en GIM localizados en los cromosomas 3, 4, 7, 8, 10, 11, 14, 16 y 17. Los QTLs más relevantes afectaron a los AG C14:0, C16:0, C16:1(n-7), C18:0, C18:2 y C20:3, para los que se llevó a cabo un análisis de QTLs pleiotrópicos con efectos sobre ambas grasas. Aunque la mayoría de los QTLs detectados se limitan a una de las grasas, cinco QTLs mostraron efectos pleiotrópicos significativos en: SSC4 (80 cM) con efecto sobre C20:3, SSC8 (87 cM) con efecto sobre C16:0, SSC8 (90 cM) con efecto sobre C16:1(n-7) y SSC12 (39 cM) con efecto sobre C16:0. Con el fin de evaluar la consistencia de estas regiones pleiotrópicas, se realizó un análisis de asociación genómica utilizando los genotipos de 14.503 SNPs. Los resultados fueron consistentes para los dos QTLs pleiotrópicos en SSC8, pero no para los detectados en SSC4 y SSC12. La diferencia de frecuencias entre los parentales del cruce (Ibérico y Landrace) de los SNPs contenidos en las regiones QTL de SSC4 y SSC12 se aleja de la hipótesis de detección de QTL por ligamiento, que supone alelos alternativos fijados en los parentales y podría explicar la inconsistencia de los resultados de asociación. Los resultados de este trabajo han permitido identificar regiones QTL con efectos sobre el contenido de AG comunes a ambas grasas, aunque la mayoría tienen un efecto específico de tejido.

## Variación individual en la resistencia al virus del Síndrome Respiratorio y Reproductivo porcino en cerdos Duroc y Landrace x Large White

Pena, R.N., Prat, E., Estany, J., Fraile, L.

Presenta: Joan Estany Illa

El complejo respiratorio porcino es uno de los problemas más frecuentes y que más preocupan al sector porcino. Uno de los patógenos más importantes que están involucrados en este síndrome es el virus del síndrome respiratorio y reproductivo porcino (PRRSV). Hasta el momento no hay vacunas eficaces para controlar este virus en todos los casos, por lo que disponer de mecanismos predictivos capaces de detectar líneas o individuos resistentes puede ser de gran utilidad para el control de esta enfermedad. El presente estudio tiene por objetivo presentar (i) un protocolo para detectar fenotipos resistentes/sensibles a PRRSV; y (ii) comprobar si, según el protocolo anterior, existen diferencias de resistencia entre cerdos Duroc



(DU, n= 14) y Landrace x Large White (LDLW, n=25) y dentro de cada tipo genético. Tanto en DU como en LDLW se identificaron animales con resistencia alta, intermedia o baja al virus PRRSV. Los LDLW presentaron un porcentaje mayor de animales con resistencia alta (40.0 vs 14.3%,  $P < 0.10$ ) que los DU. Los resultados obtenidos indican que el desafío realizado es una prueba útil para fenotipar a los cerdos por resistencia a PRRSV y sugieren que existe variabilidad para este carácter entre y dentro de la población.

### Estudio de la región promotora del gen de la leptina y su relación con caracteres productivos en porcino

Pérez-Montarelo, D., Fernández, A., Noguera, J.L., Folch, J.M., Fernández, A.I.

Presenta: Dafne Pérez-Montarelo

La leptina es una hormona codificada por el gen *LEP* que juega un papel esencial en el crecimiento y la composición corporal a través de la regulación de la ingesta de alimentos y el balance energético. En un análisis conjunto con el polimorfismo *LEPR* c.1987C>T llevado a cabo en un cruce experimental F2 de cerdos Ibérico x Landrace (IBMAP) se detectaron efectos significativos del polimorfismo *LEP* g.1387A>G sobre el peso, la deposición grasa y la composición de ácidos grasos. Sin embargo, la localización de este polimorfismo en una región intrónica hace poco probable que se trate de la mutación causal. Para continuar esta investigación, el objetivo del presente estudio fue realizar la caracterización e identificación de polimorfismos en la región promotora del gen *LEP*. Para ello se analizó la secuencia de un total de 900 pb de la región 5' del gen, que incluye el promotor, además del exón 1 no codificante y regiones adyacentes (GenBank: AF492499.2). La secuenciación se llevó a cabo en los parentales del cruce: 3 machos Ibéricos y 30 hembras Landrace. Se han identificado un total de siete SNPs, que se localizan en las posiciones -342, -327, -252, -110, -80 y -55 respecto al promotor y +76 respecto al exón 1. Los siete polimorfismos fueron genotipados en 405 animales F2 y se determinó que todos ellos están cosegregando ( $MAF = 0,17$ ). El análisis de asociación de estos SNPs con caracteres productivos reveló efectos aditivos sobre el peso a edades tardías y sobre caracteres de rendimiento (área del lomo y peso de las paletas), aunque menos relevantes que los efectos anteriormente detectados para el polimorfismo *LEP* g.1387A>G. No fue posible estimar dominancia en ninguno de los análisis debido a la ausencia de uno de los genotipos homocigotos, presente solo en un individuo. Además, se ha realizado un análisis de los haplotipos que forman los polimorfismos *LEP* g.1387A>G con los identificados en este trabajo. Se han identificado 3 haplotipos diferentes ( $MAF = 0,18$ ), encontrándose todas las combinaciones de haplotipos posibles, aunque alguna a muy baja frecuencia y no se tuvo en cuenta en el análisis. El análisis de asociación por haplotipos reveló efectos similares a los obtenidos en los análisis anteriores. Los resultados no apoyan la causalidad de ninguno de los SNPs estudiados hasta el momento, lo que lleva a descartar la localización de la mutación causal en ninguna de las regiones exónicas ni en su promotor.



## Análisis de la expresión de los genes Fatty acid-binding protein 4 y Fatty acid-binding protein 5 porcinos y su asociación con la composición de ácidos grasos

Puig-Oliveras, A., Castelló, A., Gago M., Ramayo-Caldas, Y., Corominas, J., Ibáñez-Escriche, N., Muñoz, M., Folch, J.M.

Presenta: Anna Puig Oliveras

La familia génica *Fatty Acid-Binding Proteins (FABPs)* codifica para proteínas implicadas en el transporte intracelular de ácidos grasos de cadena larga. Los genes *FABP4* y *FABP5* se localizan dentro de un QTL del SSC4 asociado al crecimiento, conformación y deposición de grasa en un cruce Ibérico x Landrace (IBMAP) (Mercadé *et al.*, 2005). Se identificó un indel (g.2634\_2635insC) en el intrón 1 de *FABP4* (Mercadé *et al.*, 2006) y un SNP (g.3000T>G) en el intrón 2 de *FABP5* (Estellé *et al.*, 2006). Recientemente, se han genotipado 62.163 SNPs con el chip Porcine *SNP60 BeadChip (Illumina)* en 144 animales del cruce IBMAP y se han realizado análisis GWAS (*Genome-Wide Association Study*) con la composición de ácidos grasos en músculo (Ramayo-Caldas *et al.*, 2012). En la región del SSC4 donde se localizan los genes *FABP4* y *FABP5* se identificaron SNPs significativamente asociados con el porcentaje de palmitoleico (C16:1(n-7)), oleico (C18:1(n-9)) y linoleico (C18:2(n-6)). El objetivo del presente trabajo fue determinar el efecto de los polimorfismos detectados sobre la expresión de los genes *FABP4* y *FABP5* y estudiar su relación con la composición de ácidos grasos. Se analizó la expresión por RT-qPCR en muestras de tejido adiposo (grasa dorsal) de 109 animales. Los resultados obtenidos muestran diferencias de expresión del gen *FABP4* entre animales con diferentes genotipos para el indel de *FABP4* siendo mayor la expresión en animales con alelos de origen Ibérico. Además, la expresión de *FABP4* y *FABP5* está correlacionada positivamente ( $r = 0,43$ ). Sin embargo, no se han encontrado diferencias significativas en la expresión de *FABP5*. Los animales con alelos de origen Ibérico para el indel de *FABP4* presentan una mayor proporción en músculo de palmítico (C16:0), palmitoleico y vaccénico (C18:1(n-7)) y, por el contrario, un menor contenido de linoleico y dihomo-gamma-linolénico (C20:3(n-6)). Para identificar los elementos reguladores de la expresión de *FABP4* y *FABP5* se han realizado GWAS entre los valores de expresión y los genotipos del chip de 60k SNPs. La expresión de *FABP4* está asociada con el indel del gen *FABP4* ( $p = 8,6 \times 10^{-6}$ ) y con varios SNPs del SSC4 y SSC9. Para la expresión de *FABP5* se han detectado dos regiones asociadas en el SSC1 y SSC10. Estos resultados sugieren la presencia de un elemento regulador de la expresión de *FABP4* muy próximo al gen, así como de otros factores que actúan en *trans* sobre la expresión de *FABP4* y *FABP5*. Además, refuerzan el interés del gen *FABP4* como gen candidato funcional y posicional para la composición de ácidos grasos.



## Expresión del gen esteroil-coA desaturasa y desaturación de la grasa intramuscular en porcino

Ros-Freixedes, R., Pena, R.N., Tor, M., Estany, J.

Presenta: Joan Estany Illa

Las carnes más grasas pueden percibirse como de peor calidad nutricional en tanto que la grasa, y en especial la saturada (SFA), se relacionan desfavorablemente con la prevención de enfermedades metabólicas y cardiovasculares. En este sentido, el contenido en grasa monoinsaturada (MUFA), y de ácido oleico (C18:1, n-9), puede representar un valor añadido al producto. El C18:1 es un MUFA de la familia n-9 que presenta un doble enlace entre los carbonos C9 y C10 de la cadena carbónica. En el organismo, este ácido graso se forma por desaturación del ácido esteárico (C18:0) a C18:1. Varios enzimas participan directa o indirectamente en este proceso. Entre ellos cabe destacar la enzima esteroil-coA desaturasa (SCD). Este es el enzima más relevante para la formación de C18:1, ya que es el responsable del paso limitante en la formación de MUFA. Concretamente, la enzima SCD es una enzima  $\Delta$ -9 desaturasa que interviene en la síntesis de MUFA, y en particular en la producción de C18:1 y palmitoleico (C16:1) a partir de ácido esteárico (C18:0) y palmítico (C16:0), respectivamente. Cánovas et al. [1] mostraron que la selección contra el espesor de la grasa dorsal a grasa intramuscular constante provocaba una disminución de la expresión de SCD en la grasa subcutánea pero no en la intramuscular. Además, se observó que tanto MUFA como el índice de desaturación (C18:1/C18:0) aumentaban conforme lo hacía la expresión proteica de SCD en músculo. Estos resultados sugieren que el nivel de SCD puede ser un biomarcador del contenido de grasa intramuscular, de C18:1 o del grado de desaturación. La expresión proteica de SCD es más costosa de determinar que la génica. Por eso, este trabajo se propone investigar la relación de la expresión génica de *SCD* con C16:1 y C18:1 y los índices de desaturación C16:1/C16:0 y C18:1/C18:0, así como su consistencia en diferentes lotes y grupos de cerdos sujetos a diferente manejo genético y/o ambiental.

## Efecto del tipo genético, de la selección por grasa intramuscular y de la localización anatómica del tejido, sobre la composición en aminoácidos de la carne

Tor, M., Vilaró, F., Ros-Freixedes, R., Reixach, J., Estany, J.

Presenta: Joan Estany Illa

En el marco de un experimento de mejora genética porcina para el reparto de la grasa, se ha planteado estudiar el efecto del tipo genético, de un ciclo de selección por espesor de grasa subcutánea a grasa intramuscular constante y de la localización anatómica del tejido, sobre un perfil de aminoácidos que incluye la hidroxiprolina (HYP). El análisis de los aminoácidos se hace de forma simultánea mediante un sistema UPLC acoplado a un espectrómetro de masas. En general se observa un patrón de comportamiento distinto entre la HYP y el resto de los aminoácidos estudiados. Los tipos genéticos de la raza Duroc han presentado unos valores más altos en HYP que los cruces de cerdo blanco (LWxLD) o de ibérico (IBxD1). No se han detectado efectos de la selección sobre el contenido de HYP, en ninguno de los músculos estudiados. En cambio, los animales seleccionados presentan un mayor contenido de algunos aminoácidos esenciales (leucina, isoleucina y fenilalanina). La diferencias encontradas en el contenido de



HYP y en otros aminoácidos (prolina, leucina y metionina), entre los músculos *m. gluteus medius* y *m. longissimus dorsi*, indican que la situación del tejido es un factor relevante en la composición. Se ha encontrado una correlación entre la proporción de HYP y el ácido araquidónico (-0.18;  $p < 0,05$ ) que sugiere una relación inversa entre las proteínas y los lípidos estructurales.





### SESIÓN III. GENÓMICA II.

Moderador: Luis Varona Aguado.

Día: 1 de junio. Horario: 11:45-14:00.

#### Genética de la insularidad: las lagartijas baleares.

**Ponente invitado.** Misericordia Ramón Juanpere. Universidad de las Islas Baleares.

#### Estudio de asociación para detectar efectos genéticos directos y asociativos en poblaciones heterogéneas: el caso del "picaje de plumas" en gallinas ponedoras

Biscarini, F., Bovenhuis, H., van der Poel, J., Rodenburg, B., Jungerius, A., van Arendonk, J.

#### Novel mutations controlling ovulation rate in sheep

Bodin, L., Demars, J., Drobik, W., Fabre, S., Hanrahan, J.P., Keane, O., Martyniuk, E., Mulsant, P., Nowak, Z., Persani, L., Rossetti, R., Sarry, J., Tosser-Klopp, G.

#### Polimorfismo en genes de la inmunidad innata. Análisis funcional

Domínguez, M.A., Landi, V., Morera, L., Garrido, J.J.

#### Assessment of the correlation between genetic (male) and physical maps in Spanish Churra sheep

García-Gámez, E., Gutiérrez-Gil, B., Sánchez, J.P., Bayón, Y., de la Fuente, L.F., San Primitivo, F., Arranz, J.J.

#### Preliminary analysis of selective sweeps in the Spanish Churra Sheep

Gutiérrez-Gil, B., García-Gámez, E., Kijas, J.W., San Primitivo, F., de la Fuente, L.F., Bayón, Y., Arranz, J.J.

#### Estimación de parentesco y consanguinidad moleculares en cerdo ibérico utilizando chips de SNP de alta densidad

Saura, M., Fernández, A., Barragán, C., Rodríguez, M.C., Villanueva, B.

#### Estudios de asociación con genoma completo aplicados a la susceptibilidad a la enfermedad de Johne (paratuberculosis) en vacuno de leche

Ugarte, E., Jiménez-Montero, J.A., Amenabar, M.E., Juste, R., Kortabarria, N., Garrido, J., Aduriz, G., González-Recio, O.



## Genética de la insularidad: las lagartijas baleares.

**Ponente invitado.** Misericordia Ramón Juanpere. Universidad de las Islas Baleares.

Las islas han desempeñado un papel central en el estudio de la diversidad genética y de su evolución. Las lagartijas son la fauna endémica predominante en las islas e islotes del mediterráneo, pertenecen al género *Podarcis* y se han diversificado por toda la cuenca mediterránea, desde su origen hace aproximadamente 9 millones de años. Presentan una enorme variabilidad fenotípica y de conducta y su compleja taxonomía es objeto de continuas revisiones. Dos especies de este género, *P. lilfordi* y *P. pityusensis* habitan en el archipiélago balear desde el final de la crisis mesiniense, hace 5,3 millones de años. Se trata de especies con un alto grado de protección a nivel internacional, dada la severa fragmentación de las poblaciones que presentan y el declive continuo en el área de ocupación y en la calidad de hábitat que sufren. El estudio genético de estas especies, realizado mediante marcadores moleculares de DNA mitocondrial y nucleares (NCPLs y STRs), nos va a permitir determinar las relaciones filogenéticas y filogeográficas existentes entre las distintas poblaciones. Será un objetivo clave la datación de los principales eventos cladogenéticos producidos, y su relación con los cambios geomorfológicos y de nivel del mar que se han producido a lo largo del tiempo en esta región. La especie *P. lilfordi* se separó de su especie hermana *P. pityusensis* al final de la crisis mesiniense (5,3 Ma), sin que se hayan detectado a nivel genético evidencias de contactos posteriores entre ambas especies. Dentro de *P. lilfordi* se han producido 4 eventos cladogenéticos principales, i) la separación de Menorca y sus islas e islotes adyacentes hace unos 2,6 millones de años, coincidiendo con un periodo geológico cálido, ii) las poblaciones de las islas occidentales de Mallorca (Dragonera, Malgrats y Toro) se separaron hace aproximadamente 2 millones de años iii) las islas de Mallorca y Norte de Cabrera hace 1,2 millones de años y iv) las restantes islas e islotes del archipiélago de Cabrera sufrieron una separación más reciente, hace unos 600.000 años. En el caso de *P. pityusensi* podemos destacar la existencia de sólo dos clados, con una separación mucho más reciente, del orden de 300.000 años. El estudio nos ha permitido detectar las introducciones realizadas por la mano del hombre, muy evidentes, por ejemplo, en el caso del islote de Sa Porrassa (Mallorca) y Dau Gran (puerto de Ibiza). En conjunto, el análisis de diversidad genética realizado nos conduce a describir las unidades significativas a nivel evolutivo (ESUs), que van a ser imprescindibles para una efectiva política de conservación.

## Estudio de asociación para detectar efectos genéticos directos y asociativos en poblaciones heterogéneas: el caso del "picaje de plumas" en gallinas ponedoras

Biscarini, F., Bovenhuis, H., van der Poel, J., Rodenburg, B., Jungerius, A., van Arendonk, J.

Presenta: Filippo Biscarini

En este trabajo se presentan los resultados de un estudio de asociación con genoma completo para el comportamiento de picaje de plumas en una población heterogénea de nueve líneas de gallinas ponedoras. El análisis simultáneo de múltiples líneas de gallinas permite utilizar el desequilibrio de ligamiento (LD) conservado en toda la población, lo que hace posible detectar marcadores asociados al fenotipo de manera consistente en varias líneas. Además, al extenderse el LD en poblaciones heterogéneas por una distancia menor que en las líneas



individuales, los marcadores detectados con este modelo se hallan más cerca de la mutación de interés, permitiendo el mapeo fino de genes candidatos. Se evitaron posibles asociaciones espurias debidas a la estratificación de poblaciones al incluir en el modelo el efecto de la línea y la matriz de relaciones de parentesco. Al ser las gallinas ponedoras animales que se suelen criar en grupos (jaulas, corrales), se estimaron tanto los efectos genéticos directos (del genotipo individual) como los asociativos (de los genotipos de las demás gallinas de la jaula) sobre el fenotipo individual. El carácter analizado fue la condición del plumaje ("feather score", FS) que es una medida de las lesiones producidas por el picaje de plumas. Finalmente, se detectaron 11 asociaciones marcador-fenotipo en el modelo de efectos genéticos directos (interpretables como la susceptibilidad de recibir picotazos), y 81 asociaciones en el modelo de efectos genéticos asociativos (interpretables como la propensión a picotear). El gen del receptor de la serotonina (HTR2C) en el cromosoma 4 resultó asociado a la condición del plumaje en los dos modelos, confirmando –como se había observado en estudios previos– que el sistema serotoninérgico está implicado en la modulación del comportamiento de picaje de plumas en gallinas ponedoras.

### **Novel mutations controlling ovulation rate in sheep**

**Bodin, L., Demars, J., Drobik, W., Fabre, S., Hanrahan, J.P., Keane, O., Martyniuk, E., Mulsant, P., Nowak, Z., Persani, L., Rossetti, R., Sarry, J., Tosser-Klopp, G.**

Presenta: Loys Bodin

In the frame of a European programme (3SR), a case study aiming to identify major genes for ovulation rate was set up in 3 sheep populations: the Irish Cambridge, the French Grivette and the Polish Olkuska. Animals were genotyped with the 50K SNP chip and analysed within each population. For Cambridge; the inheritance pattern of sterile cases suggested a new autosomal recessive gene unlinked to GDF9. Homozygosity mapping localised a unique genomic area on chromosome 2 for which sterile ewes presented large homozygous segments. In this area it was possible to determine 2 putative regions (112Kb and 1.2Mb) carrying the causative mutation. The smallest encodes 2 strong candidate genes which are being sequenced. For Grivette and Olkuska, a GWA study revealed significant signals close to the BMP15 gene. Sequencing this gene identified a new mutation in each population, both resulting in a non-conservative amino-acid substitution, T317I in Grivette and N337H in Olkuska. In Grivette, 151 adult ewes chosen at random in the population were genotyped for the new mutation. Mean prolificacy of wild type, heterozygous and homozygous carriers were 1.93, 1.98 and 2.31. The functional effect of this mutation was tested in vitro after directed mutagenesis. In Olkuska, none of 32 control ewes were homozygous for the mutated allele and only 1 of the 22 cases was homozygous wild-type. Mean OR were 1.63, 1.93 and 4.34 for the respective 3 genotypes.

### **Polimorfismo en genes de la inmunidad innata. Análisis funcional**

**Domínguez, M.A., Landi, V., Morera, L., Garrido, J.J.**

Presenta: Miguel Ángel Domínguez Martínez

Los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) son el tipo de variación más común entre individuos y su vinculación con enfermedades complejas que afectan a los animales de interés



económico es actualmente motivo de intensas investigaciones. En fecha reciente, el estudio de los SNPs que afectan la expresión de genes relacionados con la respuesta inmune ha suscitado un gran interés, ya que las diferencias genéticas entre individuos pueden modificar el fenotipo originando alteraciones que desembocarían en cambios en los patrones de resistencia o susceptibilidad a las enfermedades infecciosas. El objetivo de este estudio es identificar y evaluar funcionalmente polimorfismos SNPs en las secuencias promotoras de los genes TLR2, TLR5 y NOD2 porcinos, que codifican para receptores de patógenos y que por tanto desempeñan una función relevante en la respuesta inmune. La identificación de SNPs en las regiones promotoras de los genes TLR2, TLR5 y NOD2 porcinos se llevó a cabo mediante PCR-SSCP. El análisis funcional de los polimorfismos fue llevada a cabo mediante la expresión de la actividad luciferasa en células CHO transfectadas con las distintas variantes polimórficas de las secuencias promotoras. El trabajo realizado permitió la identificación de 16 SNPs en las regiones promotoras de los genes TLR2, TLR5 y NOD2 porcinos (2, 5 y 9, respectivamente). Cuatro SNPs fueron seleccionados para su análisis funcional: TLR2-SNP1 -318T>A, TLR5-SNP3 -193G>A y TLR5-SNP4 -187A>G tomando como referencia su ubicación en sitios de unión a factores de transcripción implicados en la inmunidad. El análisis funcional reveló la existencia de diferencias entre las variantes alélicas analizadas en cada promotor, observándose que el alelo TLR2-SNP1 -318T>A mostró una actividad luciferasa del doble de la obtenida con la variante alélica T. En el caso del promotor del gen TLR5 se evaluaron dos polimorfismos mapeando en el sitio de unión al factor de transcripción FKHD, involucrado en los mecanismos de inmunidad. De nuevo fue observado que la presencia en el promotor de los alelos con menor frecuencia TLR5-SNP3 -193A y TLR5-SNP4 -187G generaba un mayor nivel de expresión del gen reportero ( $p \leq 0.05$ ). Sin embargo, en el caso del SNP4 -741T>C, localizado en el promotor del gen NOD2 porcino, no se observaron diferencias significativas en la actividad transcripcional determinada por las dos variantes alélicas. Nuestros resultados demuestran que variaciones de un solo nucleótido en las secuencias promotoras de los genes analizados modifican el nivel de expresión del gen reportero luciferasa, sugiriendo que efectivamente, el polimorfismo caracterizado puede afectar de manera directa la regulación de la expresión del gen.

### Assessment of the correlation between genetic (male) and physical maps in Spanish Churra sheep

García-Gámez, E., Gutiérrez-Gil, B., Sánchez, J.P., Bayón, Y., de la Fuente, L.F., San Primitivo, F., Arranz, J.J.

Presenta: Elsa García Gámez

To assess the correspondence between the physical map, derived from Ovine Assembly v2.0, and the genetic map in Spanish Churra sheep, we built a linkage map using the genotypes from the *Illumina Ovine SNP50BeadChip*. After a quality control per animal and per marker, 46,341 autosomal SNPs and 1,681 animals belonging to 16 half-sib families were used to estimate the equivalence between marker positions in cM and Mb. The results reported here show that the average recombination frequency in the 16 sires is 1.85 cM per Mb, higher than the average value in most mammals (1 cM ~ 1 Mb). Moreover, we have detected differences between chromosomes, with a minimum of 1.50 cM/Mb in OAR2 y a maximum of 2.37 cM/Mb in OAR20. These values should be used as a reference in studies where recombination information between



markers is important, for example, in QTL detection or effective population size estimation based on molecular information. However, we have to take into account that in this work we have only analysed male meiosis and the number of animals is limited. It is also important that the Ovine Genome Assembly is still in a draft stage and future refinements will improve the sequence.

### Preliminary analysis of selective sweeps in the Spanish Churra Sheep

Gutiérrez-Gil, B., García-Gámez, E., Kijas, J.W., San Primitivo, F., de la Fuente, L.F., Bayón, Y., Arranz, J.J.

Presenta: Juan José Arranz

During the domestication and specialization processes in sheep there has been a differentiation in breeds with three main production aims: milk, meat and wool. Using the available genomic tools in the last decades, some research groups have studied differences between populations and evolution in sheep. The aim of this work is to perform a primary search of selective sweeps in the Spanish Churra sheep genome. For that purpose, we compared this breed, specialized in milk production, with Australian Merino sheep, selected for wool production. We estimated genetic diversity based on  $F_{ST}$  and heterozygosity across the genome using genotypes from the *Illumina Ovine SNP50BeadChip*. Average heterozygosity did not show differences between breeds (Merino = 0.381; Churra = 0.375) or average values between chromosomes.  $F_{ST}$  averaged for all SNPs comparing both breeds is 0.023. These initial results have highlighted several genomic regions differentially selected in the breeds under study. This work is a preliminary study towards the description of selective sweeps in Spanish Churra sheep, a milk production specialized breed. The comparison of this breed with others which have been selected for different traits can help us to decipher the influence of selection process in the genome of these animals since domestication began.

### Estimación de parentesco y consanguinidad moleculares en cerdo ibérico utilizando chips de SNP de alta densidad

Saura, M., Fernández, A., Barragán, C., Rodríguez, M.C., Villanueva, B.

Presenta: María Saura Álvarez

La piara experimental de cerdos ibéricos de *El Dehesón del Encinar*, establecida en 1944 y compuesta por las líneas *Torbiscal* y *Guadyervas*, constituye un reservorio único del patrimonio genético de esta raza, que se ha visto seriamente deteriorado a lo largo del tiempo. Desde su fundación, esta población ha sido objeto de un trabajo in-interrumpido de controles genealógicos y registro de datos. La estirpe *Guadyervas*, que proviene de la antigua *Puebla*, una de las cuatro estirpes ancestrales, y que se ha mantenido desde entonces como una población cerrada, constituye la única representante actual del tipo genético *negro lampiño guadianés*, caracterizado por ser extremadamente grasa. Esta estirpe está, en la actualidad, en serio peligro de extinción. En el pasado, se han realizado estudios de análisis de diversidad genética en *Guadyervas* basados en datos genealógicos o en un número limitado de marcadores microsatélite y se observó una baja correlación entre estimas de parentesco moleculares y genealógicas. Los grandes avances realizados en tecnologías de genotipado masivo, incluyendo



el desarrollo de chips densos de polimorfismos nucleotídicos sencillos (SNP), nos proporcionan ahora nuevas herramientas para medir y mantener la diversidad y para utilizar la variación genética aplicable en programas de conservación. En este estudio se ha utilizado el chip porcino (*PorcineSNP60 BeadChip*) para obtener estimas más precisas de parentesco ( $\hat{h}$ ) y consanguinidad ( $F$ ) moleculares en 141 individuos nacidos entre 1992 y 2010. Del total de los SNP que segregan en el cerdo ibérico, un 32% fueron monomórficos y por tanto no informativos para *Guadyrbas*. A nivel de cromosoma, el parentesco varió entre 0,68 (cromosoma 3) y 0,87 (cromosoma 8), y la consanguinidad entre 0,64 y 0,87 (para los mismos cromosomas respectivamente). Las estimas moleculares globales de parentesco y consanguinidad se compararon con las basadas en la genealogía. Aunque las estimas moleculares ( $\hat{f}_{mol} = 0,78-0,81$ ;  $F_{mol} = 0,78-0,84$ ) fueron considerablemente más altas que las genealógicas ( $\hat{f}_{gen} = 0,34-0,72$ ;  $F_{gen} = 0,33-0,45$ ) la correlación entre ambas fue muy alta en el caso del parentesco (0,92) y más moderada en el caso de la consanguinidad (0,62). La alta correlación entre ambas estimas de parentesco indica que las actuales estrategias de apareamientos basadas en la genealogía cambiarían poco si esta información fuera reemplazada con aquella proporcionada por los SNP.

#### Estudios de asociación con genoma completo aplicados a la susceptibilidad a la enfermedad de Johne (paratuberculosis) en vacuno de leche

Ugarte, E., Jiménez-Montero, J.A., Amenabar, M.E., Juste, R., Kortabarria, N., Garrido, J., Aduriz, G., González-Recio, O.

Presenta: Eva Ugarte Sagastizabal

Se genotiparon 290 vacas procedentes de 4 explotaciones con una chip de baja densidad (3K) con el objetivo de realizar estudios de asociación con caracteres de resistencia a enfermedades, concretamente la infección por paratuberculosis. Las frecuencias alélicas de los SNPs genotipados en estos animales se han comparado con las estimadas en la población de machos con prueba de progenie en España que han sido cedidas por la confederación de asociaciones de Frisona Española (CONAFE). Se ha visto que las frecuencias alélicas de la población genotipada de vacas son muy similares a las de la población de machos. Esto facilitó la imputación de los genotipos de las hembras, aumentando la cantidad de marcadores disponibles de 2988 a 54609 SNPs. Se han detectado regiones genómicas asociadas a los caracteres de susceptibilidad a infección por paratuberculosis.



#### SESIÓN IV. GENÓMICA III.

Moderador: Noelia Ibáñez Escriche.

Día: 1 de junio. Horario: 16:30-18:30.

#### La calidad de la carne de res: perspectivas de mejora genética.

**Ponente invitado.** Gilles Renand. INRA.

Identificación de genes diferencialmente expresados mediante hibridación sustractiva por supresión en el oviducto de dos líneas de conejos seleccionadas divergentemente por capacidad uterina

Ballester, M., Castelló, A., Peiró, R., Argente, M.J., Santacreu, M.A., Folch, J.M.

La heredabilidad faltante y el epigenoma: retos en la era post-genómica era post-genómica

González-Recio, O., García-Cortés, L.A., Villanueva, B., Ugarte, E.

Genomic Evaluations in Spanish Dairy Cattle

Jiménez-Montero, J.A., González-Recio, O., Alenda, R.

Conjunctive analysis of genomics and proteomics data: an innovative approach to screen potential targets for the genetic improvement of Salmonella resistance in pigs

Martins, R.P., Moreno, A., Bautista, R., Claros, M.G., Carvajal, A., Garrido, J.J.

Inferencia demográfica y de eventos selectivos a partir de secuencias (cuasi)completas

Pérez-Enciso, M., Ramos-Onsins, S.E.

Huellas de una experiencia de selección en el genoma de la línea Torbiscal de cerdos Ibéricos

Rodríguez, C., Fernández, A., Fernández, A., Barragán, C., Silió, L.

Variación genética para caracteres de crecimiento a diferentes edades en corvina (*Argyrosomus regius*), usando dos nuevas PCR múltiples en la asignación bajo condiciones de puesta masal

Soula, M., Negrín-Báez, D., Zamorano, M.J., Navarro, A., Sánchez, J.J., Afonso, J.M.



## La calidad de la carne de res: perspectivas de mejora genética.

**Ponente invitado.** Gilles Renand. INRA.

La calidad de la carne de res suele ser, junto con el precio, imprescindible para la satisfacción del consumidor y el mantenimiento del nivel de consumo en los países donde este llega al límite o empieza a disminuir. Desgraciadamente, es un carácter difícil de medir que requiere un panel de catadores para evaluar las características sensoriales: ternera, flavor y jugosidad. Entre ellas, la ternera es indudablemente la más importante por su impacto sobre el grado de satisfacción del consumidor. La medida instrumental de la fuerza de corte permite una predicción objetiva de la ternera, pero se limita a estudios científicos por ser demasiado costoso para utilizarse rutinariamente en los programas de mejora. La ausencia de valoración de la calidad en los mataderos imposibilita implementar una escala de precio según la calidad. Sin embargo, los profesionales esperan poder utilizar marcadores genéticos de la calidad para aplicar unos precios diferenciales en base a la información genética de dichos marcadores. El estudio de la variabilidad genética de la calidad de la carne de res se fomentó en los grandes países productores, como EE.UU. o Australia. Últimamente en Francia, se invirtió en programas de investigación para analizar el determinismo genético de la calidad en las razas de carne especializadas, como Charolais, Limousin y Blonde d'Aquitaine. En general, la ternera, valorada por un panel de catadores o predicha instrumentalmente, presenta una variabilidad genética del orden del 25% de la variabilidad fenotípica. Como para la mayoría de los caracteres de producción, se espera que esa variabilidad, además de un gran número de genes con efectos diminutos, dependa de unos cuantos genes con polimorfismo con efectos cuantificables (QTL). La tarea de descubrir esos polimorfismos es colosal. Con los progresos en genómica y genética cuantitativa se podría utilizar marcadores moleculares para distinguir animales con alelos favorables del QTL. Así, la disponibilidad de "SNP chip", con 50.000 marcadores que cubren todo el genoma permite localizar los QTL por análisis de asociación o "desequilibrio de ligamiento" en poblaciones de producción. Los primeros resultados, en un estudio Australiano y en las tres razas estudiadas en Francia, evidenciaron entre 30 y 60 QTL de la ternera o la fuerza de corte en cada población. Sin embargo, entre los numerosos QTL detectados, unos pueden ser falsamente positivos. Por lo que es indispensable confirmar esas asociaciones con otras muestras de animales de similar origen genético, como hicieron en la publicación australiana, donde solamente 1/8 fueron comprobadas. Gracias a las inversiones para constituir muestras de referencia (base de datos fenotípicos y muestras de ADN), la detección y localización fina de QTL de la calidad de la carne es ya una realidad. Pero son aun necesarios estudios de confirmación sobre poblaciones de producción y mediando la calidad según el uso del país, antes de comenzar a utilizar la selección asistida por marcadores.





## Identificación de genes diferencialmente expresados mediante hibridación sustractiva por supresión en el oviducto de dos líneas de conejos seleccionadas divergentemente por capacidad uterina

Ballester, M., Castelló, A., Peiró, R., Argente, M.J., Santacreu, M.A., Folch, J.M.

Presenta: María Ballester Devis

El oviducto de los mamíferos es un órgano reproductivo dinámico en donde se llevan a cabo distintas funciones esenciales para la reproducción como son: la maduración final de los gametos, la capacitación espermática, el transporte de los gametos y embriones, la fecundación y la segmentación embrionaria. En un experimento de selección divergente por capacidad uterina (CU) en conejo, la línea seleccionada para disminuir la capacidad uterina (CU-) presentó una disminución del desarrollo embrionario y un incremento en la mortalidad embrionaria a las 62h de gestación, momento en el que los embriones se encuentran en el oviducto. Teniendo en cuenta que en el oviducto interactúan múltiples factores para asegurar la supervivencia y el desarrollo embrionario, el objetivo del trabajo consistió en la identificación de genes diferencialmente expresados en el oviducto, a las 62h de gestación, de conejas procedentes del experimento de selección divergente por CU. Para ello se utilizó la técnica de hibridación sustractiva por supresión (SSH), generándose una librería para cada línea. En conjunto, se obtuvo un total de 704 ESTs (*Expressed Sequence Tags*) que tras ser debidamente alineados y ensamblados dieron lugar a 438 secuencias únicas y 126 *contigs*. De éstos, el 54% mostró homología con proteínas de la base de datos del NCBI. Con el fin de confirmar la expresión diferencial de los genes sustraídos se llevaron a cabo experimentos de *screening* diferencial por *dot-blot* y PCR cuantitativa a tiempo real (RT-qPCR). Finalmente, 71 ESTs fueron anotados funcionalmente por su proceso biológico y función molecular; así mismo, se utilizó la enciclopedia de genes y genomas de kyoto (KEGG) con el fin de identificar aquellas secuencias implicadas en diferentes rutas metabólicas. Mientras que en la línea seleccionada para aumentar la capacidad uterina (CU+) se identificaron genes sobre-expresados relacionados con la fosforilación oxidativa y la respuesta al estrés, en la CU- los genes sobre-expresados fueron aquellos implicados en procesos metabólicos, metabolismo y degradación de aminoácidos, respuesta inmune, respuesta al estrés y apoptosis. Además, en la línea CU- se identificaron dos genes sobre-expresados, *PGR* y *HSD17B4*, implicados en el proceso de desarrollo reproductivo. En conclusión, el presente estudio proporciona una lista de genes candidatos diferencialmente expresados en el oviducto de dos líneas de conejos seleccionadas divergentemente por CU que podrían ayudar a esclarecer los mecanismos moleculares implicados en las diferencias observadas entre ambas líneas.



## La heredabilidad faltante y el epigenoma: retos en la era post-genómica era post-genómica

González-Recio, O., García-Cortés, L.A., Villanueva, B., Ugarte, E.

Presenta: Oscar González-Recio

La variación epigenómica y los mecanismos de control epigenéticos se están revelando en el siglo XXI como un factor de gran importancia en la regulación genética de los caracteres complejos. La definición moderna de la epigenética es el estudio de los cambios, posiblemente heredables, en la expresión génica que no son debidos a cambios de la secuencia del DNA. Una de las marcas epigenéticas más conocidas es la metilación del DNA (DNAm). Avances recientes en las técnicas de secuenciación permiten ya obtener información sobre metilaciones del ADN a lo largo de todo el genoma que pueden tener algún impacto sobre la expresión de caracteres de interés productivo (e.g. producción de leche, crecimiento, resistencia a enfermedades, etc...). En este trabajo se evalúa la repercusión que la metilación puede tener sobre las evaluaciones de mérito genético (tanto tradicionales como genómicas) y se desarrolla un método *ad hoc* para incorporar la información de metilación del ADN en dichas evaluaciones. Se utilizó el genotipo de 2104 individuos Holstein para simular un carácter productivo de naturaleza infinitesimal, y su predisposición a la metilación del ADN. En base a esta predisposición genética la metilación y a circunstancias ambientales, se simuló un epigenotipo para cada individuo. Los datos se analizaron con un modelo BLUP tradicional, un BLUP genómico (G-BLUP) y un LASSO bayesiano que incorpora información epigenómica. La precisión de las evaluaciones de mérito genético aditivo se vio afectada cuando existía influencia epigenómica sobre el carácter, independientemente del método usado, con un descenso en la predicción entre un 15 y un 20% con respecto a la ausencia de influencia epigenómica. El LASSO Bayesiano epigenómico no mejoró la capacidad predictiva para el efecto genético aditivo, pero sí predijo con mayor exactitud la expresión fenotípica de los individuos dada la metilación del ADN. La metilación del ADN constituye un ruido externo que no es posible controlar con los modelos usados actualmente en la predicción de mérito genético. Es necesario desarrollar métodos que puedan controlar este ruido generado por la información epigenómica para no perjudicar la precisión de las evaluaciones de mérito genético. El conocimiento de la causa y repercusión de las marcas epigenómicas sobre la expresión de los caracteres de interés en producción animal, pueden contribuir a la obtención de evaluaciones genéticas más fiables y al control ambiental de circunstancias productivas perjudiciales, con el objetivo de generar conocimiento en la interacción genotipoambiente y obtener animales más productivos, sanos y eficientes.



## Genomic Evaluations in Spanish Dairy Cattle

Jiménez-Montero, J.A., González-Recio, O., Alenda, R.

Presenta: José Antonio Jiménez Montero

The aim of this study was to analyze the recorded genotypes and genomic evaluation methodologies for the Spanish Holstein population as an initial step toward the first official national genomic evaluation. This study presents different descriptors of the genomic structure of the genotypes of progeny tested bulls in Spain and compares different genomic evaluation methodologies. Two different Bayesian linear regressions, Bayes-A and Bayesian-Lasso and a machine learning algorithm, Random-Boosting, were compared with regard to accuracy, bias, mean square error and the regression coefficients. Five different traits that are currently included in the Spanish genetic evaluation were used: milk yield, fat yield, protein yield, fat percentage and udder depth. In total, genotypes for these traits from 1797 accurate progeny tested bulls were included. The training set was composed of bulls born before 2005; 1576 bulls were included for production and 1562 bulls were included for type. The testing sets contained 221 and 196 younger bulls for production and type, respectively. Routine evaluations from January 2009 were used as the dependent variables. Note that bulls in the test set did not have progeny test proofs at that time. The December 2011 progeny proofs were used to compare the predicted response of the sires in the test set. Genomic evaluations were more accurate than the traditional pedigree index at predicting future progeny proofs for young bulls. The increment of Pearson correlation between observed and predicted, response depended on the trait and ranged between 0.093 and 0.389. The different methodologies implemented showed similar results. Results averaged across traits showed that Bayesian-Lasso had the highest accuracy showing an increment between 0.010 and 0.001 points in Pearson correlation regarding Bayes-A and Random-Boosting. Bayes-A showed the lowest bias (0.006 and 0.057 s.d. units below Bayesian-Lasso and Random-Boosting estimates). However, the Random-Boosting algorithm predicted the genomic merit of individuals with mean square error estimates 4.03% and 4.29% lower than Bayesian-Lasso and Bayes-A respectively, and their regression coefficients on the 29 adjusted progeny proofs were closer to unity. The observed predicted ability obtained with these methods was within the range of values expected for a population of a similar size. These methods and the described reference population are a good start point for the implementation of genome-assisted evaluations in the Spanish dairy cattle.

## Conjunctive analysis of genomics and proteomics data: an innovative approach to screen potential targets for the genetic improvement of Salmonella resistance in pigs

Martins, R.P., Moreno, A., Bautista, R., Claros, M.G., Carvajal, A., Garrido, J.J.

Presenta: Rodrigo Prado Martins

In this study we employed an in vivo approach coupled to 2D-DIGE and microarrays analysis to explore the response of porcine mesenteric lymph nodes (MLN) to *S. Typhimurium* infection at genomic and proteomic levels. MLN samples were collected from four control and twelve infected pigs (at 1, 2 and 6 days post infection) for protein and RNA purification. Protein was screened by differential in gel analysis and changes in transcriptome were assessed by Bayesian Analysis of Time Series. Afterwards, bioinformatic tools were employed to analyse and integrate data from



both strategies. Comparison of genomic and proteomic data uncovered unique enriched mechanisms from each methodology. However, common functional changes were also observed, highlighting “Antigen processing and presentation” as the most significantly altered pathway in both approaches. Since both methodologies confirmed the induction of this mechanism in porcine MLN upon *S. Typhimurium* infection, we stress molecules taking part in this route as candidates for studies focusing on the genetic improvement of *Salmonella* resistance in pigs.

### Inferencia demográfica y de eventos selectivos a partir de secuencias (cuasi)completas

Pérez-Enciso, M., Ramos-Onsins, S.E.

Presenta: Miguel Pérez Enciso

Gracias a la recombinación, cada segmento del genoma de un individuo nos cuenta una historia ligeramente distinta de la de la población o poblaciones a la cual ese individuo ha pertenecido. La acumulación de genomas que se está produciendo hace que sea fundamental desarrollar métodos computacionalmente factibles y flexibles que nos permitan inferir la historia demográfica y selectiva a partir de genomas. Este análisis tiene multitud de aplicaciones: conservación, selección genómica, identificación de loci causales o inferencia de tasas de recombinación o mutación, entre otras. En este trabajo, hemos desarrollado y evaluado un método basado en ABC (*Approximate Bayesian Computing*) que responde a estas exigencias. El método consiste en realizar una inferencia por ventanas a partir de estadísticos sumarios que el número de SNPs comunes y diferentes entre individuos ponderado por la longitud de secuencia común. Este proceso se realiza una sola vez a partir de los ficheros BAM y VCF. A continuación se simulan los parámetros usando la distribución a priori y, dado éstos, se simulan las secuencias usando la redundancia (*depth*) observada en los datos, se obtienen los SNPs de las secuencias simuladas y se calculan los estadísticos para todas las ventanas del genoma. Este proceso se repite  $n$  veces y se acumulan los valores de los parámetros y estadísticos para, posteriormente, realizar la inferencia mediante ABC. Para cada ventana, se obtiene una distribución a posteriori  $p(\theta / S)$  mediante ABC que será normalmente muy poco informativa. Sin embargo, podemos calcular la posteriori de todo el genoma, calculando el promedio de las distribuciones de cada ventana. En nuestro caso usamos el paquete ABC de R (Csillery et al, 2012) con la opción ‘neuralnet’. Inicialmente, hemos aplicado el método a datos de *pooles* de cerdo Ibérico y de un *outgroup* (Potamocero) usando un modelo que especifica un cuello de botella desde la divergencia en un tiempo  $t$  y, posteriormente, un crecimiento exponencial con parámetro  $r$  (negativo indica una disminución exponencial del censo). El método es sencillo y flexible, puede tratar *pooles* y secuencias individuales simultáneamente o por separado, con y sin *outgroup*, es computacionalmente razonable, dentro de la escala de ficheros con las que estamos tratando, y es fácilmente paralelizable. La principal limitación es el acceso a disco. También permite ajustar modelos distintos a distintas regiones del genoma y se aprovecha de toda la maquinaria disponible para ABC.



## Huellas de una experiencia de selección en el genoma de la línea Torbiscal de cerdos Ibéricos

Rodríguez, C., Fernández, A., Fernández, A., Barragán, C., Silió, L.

Presenta: Maria del Carmen Rodríguez Valdovinos

De 1989 a 1995 se realizó un experimento de selección para crecimiento magro en cerdos Ibéricos basada en registros tempranos, con una línea no seleccionada del mismo origen (Torbiscal) como control. Los cambios genéticos debidos a selección se evaluaron, mediante un procedimiento Bayesiano, a partir de datos de peso a 120 días y espesor de grasa a 40 kg registrados en 2,633 animales de ambas líneas. La selección fue efectiva para ambos caracteres, con un progreso genético de la sub-línea seleccionada (S) +2.7 Kg (95%HPD = 1.5/4.0) de aumento de peso y -1.2 mm (95%HPD = -1.5/-0.9) de reducción del espesor de grasa dorsal. El objetivo del presente estudio fue evaluar, a lo largo del genoma, los cambios inducidos por la selección realizada a partir de la información de genotipado masivo obtenida con el chip Porcine60K BeadChip. La información utilizada corresponde a los genotipos de 23,229 SNPs disponibles en un grupo de animales seleccionados ( $N_S = 28$ ), un grupo de animales control contemporáneos ( $N_{C1} = 34$ ) y otro de sus descendientes en la actual línea Torbiscal ( $N_{C2} = 36$ ). La selección redujo la diversidad genética, estimada como heterocigosidad esperada a partir de los genotipos, siendo las diferencias respecto a los otros grupos:  $H_e^S - H_e^{C1} = -0.032$  (intervalo bootstrap 95%: -0.030/-0.033) y  $H_e^S - H_e^{C2} = -0.025$  (-0.023/-0.028) en los 18 autosomas. La disminución fue mayor en el cromosoma X, siendo los respectivos valores: -0.059 (-0.045/-0.074) y -0.034 (-0.019/-0.050). Para identificar las posibles huellas de la selección, calculamos para

cada SNP y grupo  $i$  el estadístico  $d_i = \sum_{j \neq i} \frac{F_{ST}^{ij} - E[F_{ST}^{ij}]}{SD[F_{ST}^{ij}]}$ , donde  $E[F_{ST}^{ij}]$  y  $SD[F_{ST}^{ij}]$  son la esperanza

y desviación típica del coeficiente de diferenciación genética  $F_{ST}$  entre los grupos  $i$  y  $j$ . Se calculó el promedio de los valores  $d_i$  de cada grupo en ventanas deslizantes de 5 Mb a lo largo de los 18 autosomas. El número medio de SNPs por ventana fue de 48. En el análisis correspondiente al grupo S se identificaron ocho regiones, en los cromosomas 1 (dos), 2, 3, 6, 12, 15 y 17, con valores promediados por ventana de  $d_i$  en el percentil 99% de su distribución. Las regiones con valores más extremos, en los cromosomas 1 (289-291 Mb), 6 (79-83 Mb), 15 (127-132 Mb) y 17 (60-62 Mb), contienen genes relacionados con el carácter con mayor respuesta (obesidad), tales como *TLR4*, *PTPRU*, *IGFBP5* y *CYP24A1*, respectivamente.

## Variación genética para caracteres de crecimiento a diferentes edades en corvina (*Argyrosomus regius*), usando dos nuevas PCR múltiples en la asignación bajo condiciones de puesta masal

Soula, M., Negrín-Báez, D., Zamorano, M.J., Navarro, A., Sánchez, J.J., Afonso, J.M.

Presenta: Davinia Negrín

En este trabajo, fueron estimadas por primera vez para corvina (*Argyrosomus regius*) las heredabilidades y correlaciones genética y fenotípicas para diferentes edades a lo largo del crecimiento, considerando las tallas comerciales de alevín y adulto. Se usaron dos PCR múltiplex, una específica (STRS) y otra inter-específica (STRI), compuesta por un total de 17



microsatélites, para reconstruir la matriz de parentesco. Se analizaron un total de 577 (76 reproductores, 494 descendientes y 7 individuos salvajes). El número de alelos varió entre 2 y 13, y las heterocigosidades medias observadas fueron de 0.61 y 0.59 para STR1 y STRS, respectivamente. La probabilidad de exclusión combinada para cada múltiplex fue superior a 0,99, mientras que el valor medio del contenido de información polimórfica fue de 0,56 para ambas. Ambas múltiplex permitieron la asignación con éxito del 77,7% de los descendientes a una sola pareja de reproductores (22 hembras y 21 machos, de los 76 que contribuyeron a la puesta). Se realizaron estimas de variación genética aditiva para el peso, la longitud y la conformación a las edades arriba mencionadas.



## SESIÓN V. CONSERVACIÓN GENÉTICA.

Moderador: Isabel Cervantes Navarro.

Día: 2 de junio. Horario: 8:45-10:00.

### Uso del parentesco molecular genómico para la depuración genética de una población

Amador, C., Fernández, J., Meuwissen, T.H.E.

### Relación genética de poblaciones de cerdos inferida con SNPs del cromosoma X

Burgos-Paz, W., Souza, C.A., Castelló, A., Mercadé, A., Okumura, N., Sheremet'eva, I.N., Huang, L.S., Cho, I.C., Paiva, S.R., Ramos-Onsins, S., Pérez-Enciso, M.

### Purging deleterious mutations in conservation programmes

de Cara, M.A.R., Villanueva, B., Toro, M.A., Fernández, J.

### Maintaining genetic diversity using molecular coancestry: the effect of marker density and effective population size

Gómez-Romano, F., Villanueva, B., De Cara, M.A.R., Fernández, J.



## Uso del parentesco molecular genómico para la depuración genética de una población

Amador, C., Fernández, J., Meuwissen, T.H.E.

Presenta: Jesús Fernández Martín

Si el mantenimiento en pureza de una población se ve alterado por un aporte de material genético exógeno, dicha población ha de ser depurada. Para estudiar la eficacia del uso de genotipado masivo en la eliminación de información genética indeseada, se simuló dos poblaciones (nativa y exógena) y varios escenarios de introgresión en los que un número variable de individuos exógenos se mezclaban durante varias generaciones con la población nativa. Para eliminar la información exógena se utilizó como criterio de gestión el determinar las contribuciones a la siguiente generación de manera que se minimizase el parentesco molecular (calculado a partir de 50.000 SNP) entre los reproductores y los individuos exógenos introducidos en la población. Los resultados mostraron una notable recuperación del fondo genético nativo, mayor que cuando se minimiza el parentesco genealógico, pero asociado a un gran incremento en la consanguinidad debido a la reducción en el número de individuos que contribuyen a las siguientes generaciones.

## Relación genética de poblaciones de cerdos inferida con SNPs del cromosoma X

Burgos-Paz, W., Souza, C.A., Castelló, A., Mercadé, A., Okumura, N., Sheremet'eva, I.N., Huang, L.S., Cho, I.C., Paiva, S.R., Ramos-Onsins, S., Pérez-Enciso, M.

Presenta: William Burgos Paz

Una región del genoma de *Sus scrofa* que no ha sido estudiada en profundidad desde el punto de vista de la genética de poblaciones es el cromosoma X (SSCX), el cual presenta algunas características particulares que lo hacen muy útil en este tipo de estudios como su menor tamaño efectivo respecto a autosomas ó las diferencias en la tasa de mutación y segregación entre machos y hembras. Las diferencias en los patrones de Heterocigosidad y en la estructura poblacional entre las regiones pseudo- y no pseudo-autosómicas del cromosoma X pueden ayudar a entender la historia demográfica de las diferentes poblaciones. El objetivo de este trabajo fue analizar la estructura genética de 322 cerdos provenientes de 72 grupos genéticos distribuidos a nivel mundial, mediante el análisis de 59 polimorfismos SNPs presentes a lo largo del cromosoma X. Nuestros resultados sugieren que los límites de la región pseudoautosómica se hayan aproximadamente a 7Mb en el SSCXp. Los valores de heterocigosidad y estructura poblacional mostraron una mayor diferenciación entre las poblaciones en comparación a lo reportado para cromosoma Y, autosomas y ADN mitocondrial. Los valores  $F_{ST}$  mostraron una alta diferenciación entre las poblaciones de Asia y las demás incluidas en este estudio para las dos regiones del SSCX, y una baja diferenciación entre las poblaciones de América y África y las razas Internacionales. El análisis independiente de las dos regiones del cromosoma X, revela una historia diferente respecto a la relación genética de las poblaciones, influenciada posiblemente por diferencias en la proporción de sexos





## Purging deleterious mutations in conservation programmes

de Cara, M.A.R., Villanueva, B., Toro, M.A., Fernández, J.

Presenta: Beatriz Villanueva Gaviña

Conservation programmes aim at maximising the probability of survival of the populations of interest. The goal in these programmes is to maximise effective population size that in turn minimises the loss of genetic diversity. The most efficient strategy to achieve this goal is to optimise the contribution of each potential parent (i.e., the number of offspring that each individual leaves to the next generation) by minimising the global coancestry. However, this strategy may allow mild deleterious mutations to be maintained in the population, compromising the long-term viability of the population. In order to avoid this, optimal contributions can be combined with inbred matings, to expose and eliminate recessive deleterious mutations by natural selection in a process known as purging. Although some studies have described purged populations with reduced inbreeding depression, others have found that purging had negative consequences in small populations because it increased the probability of extinction. Whether purging by inbred matings is efficient in conservation programmes depends on the balance between the loss of diversity, the decrease in fitness and the reduction in mutational load. In this study, we perform computer simulations to determine whether management of a population combining optimal contributions with inbred matings improves its long-term viability while keeping reasonable levels of diversity. We compare management strategies based on genealogical information with those based on a large number of SNP genotypes to compute coancestries. Our results are strongly dependent on the mutational model assumed for the trait under selection, the population size during management and the reproductive rate. Management strategies using molecular coancestry can maintain a larger genetic diversity in the population but can also lead to a lower fitness than those using genealogical coancestry.

## Maintaining genetic diversity using molecular coancestry: the effect of marker density and effective population size

Gómez-Romano, F., Villanueva, B., De Cara, M.A.R., Fernández, J.

Presenta: Fernando Gómez Romano

The method generally accepted to maintain genetic diversity in populations under conservation programmes is to optimise, for each potential parent, the number of offspring to be left to the next generation by minimising global coancestry. Coancestry is usually calculated from genealogical data but molecular markers can be also used to replace genealogical with molecular coancestry. Recent studies have shown that optimising contributions based on coancestry calculated from a large number of SNP markers could maintain higher levels of diversity than optimising contributions based on genealogical data. In this study we investigate how SNP density and effective population size ( $N_e$ ) impact the effectiveness of using molecular coancestry in maintaining diversity. A base population in mutation-drift equilibrium was obtained after 5000 generations of random mating. The population was then managed for ten discrete generations using genealogical or SNP information to compute coancestry. The genome was composed of 20 chromosomes of 1 Morgan each. Two types of biallelic loci were simulated: SNP (used for management) and ungenotyped loci (used for measuring diversity through expected and



observed heterozygosity). The number of SNPs varied across scenarios and the number of ungenotyped loci was always 1000 per Morgan. Levels of genetic diversity maintained when using genealogical coancestry were higher than those maintained when using molecular coancestry at low SNP densities. However, with high marker densities there was a benefit of using molecular coancestry. The number of markers required for molecular coancestry to outperform genealogical coancestry depended on  $N_e$  and ranged from about 100 markers/Morgan for  $N_e = 20$  to about 500 markers/Morgan for  $N_e = 160$ . For all values of  $N_e$  considered, the diversity maintained using 2000 markers/Morgan was between 80% and 90% of the potential maximum value which was obtained by using all the ungenotyped loci to compute coancestry. This indicates that the expected benefit from increasing marker density over this value is small.



## SESIÓN VI. PÓSTERS.

### **Caracterización molecular de la interacción entre Campylobacter y epitelio intestinal porcino**

Aguilar, C., Jiménez-Marín, A., Moreno, A., Bhide, M., Garrido, J.J.

### **Estructura demográfica y genealógica de siete razas de ganado bovino de carne español**

Cañas-Álvarez, J.J., González-Rodríguez, A., Martín-Collado, D., Avilés, C., Altarriba, J., Baro, J.A., De la Fuente, F., Díaz, C., Molina, A., Varona, L., Piedrafita, J.

### **Efecto del enriquecimiento auditivo en los niveles de estrés y miedo de pollitos de razas ponedoras**

Dávila, S.G., Campo, J.L., Gil, M.G., Prieto, M.T., Torres, O.

### **Identificación de regiones del genoma porcino asociadas a caracteres productivos en un cruce experimental (GWAS & mapeo por ligamiento)**

Fernández, A.I., Barragán, C., Ibáñez, N., Folch J.M., Silló, L., Rodríguez, C.

### **Utilización de microsatélites para la asignación racial y determinación del parentesco en razas españolas de gallinas**

Gil, M.G., Dávila, S.G., Resino-Talaván, P., Campo, J.L.

### **Determinación del modelo de valoración genética para los caracteres morfológicos lineales en el caballo Pura Raza Española**

Navarro, D., Sánchez, M.J., Gómez, M.D., Valera, M., Azor, P.J.

### **Evaluación del sistema de conexión apoyada en estación del núcleo de control cárnico de la raza Merino Español**

Osorio, J., Serradilla, J.M., Barajas, F., Medina, C., Calero, R., Molina, A.

### **Estructura genética de la raza Bovina de Lidia**

Pelayo, R., Azor, P.J., Anaya, G., Molina, A., Valera, M.

### **Contribución del macho a la prolificidad en etapas tempranas de la gestación**

Piles, M., Mocé, M.L., Laborda, P., Santacreu, M.A.

### **Selection for feed efficiency – a cautionary note**

Rauw, W.M.

### **Diseño de un índice multicarácter para la selección precoz de la aptitud para la Doma Clásica en el caballo de Pura Raza Española a partir de caracteres morfológicos lineales: resultados preliminares**

Sánchez, M.J., Valera, M., Navarro, D., Gómez, M.D., Molina, A.



## Caracterización genética de las razas equinas autóctonas españolas. Estudio preliminar

Solé, M., Gómez, M.D., Valera, M., Pelayo, R., Azor, P.J.

## Perfil de expresión y variabilidad del gen Solute Carrier Family 27A4 (SLC27A4) porcino

Zidi, A., Melo, C., Gallardo, D., Quintanilla R., Castelló A., Jordana, J., Díaz, I., Amills, M., Pena, R.N. Amills M., Pena, R. N.



## Caracterización molecular de la interacción entre *Campylobacter* y epitelio intestinal porcino

Aguilar, C., Jiménez-Marín, A., Moreno, A., Bhide, M., Garrido, J.J.

Presenta: Carmen Aguilar Jurado

Las bacterias del género *Campylobacter*, concretamente *C. jejuni* y *C. coli*, continúan siendo la causa más común de gastroenteritis bacteriana en humanos en la UE desde 2005. A pesar de ser patógenas en humano, en animales de producción como el cerdo, son consideradas comensales. En estos, la falta de síntomas clínicos sumado a la alta colonización del tracto gastrointestinal los sitúa como reservorios naturales potencialmente peligrosos para la sanidad pública. Sin embargo, la información sobre la interacción que tiene lugar entre *Campylobacter* y el epitelio intestinal porcino, altamente colonizado por esta bacteria, hasta el momento es escasa. Con el fin de caracterizar el proceso de interacción que ocurre entre esta bacteria y el intestino porcino, así como identificar posibles moléculas candidatas que nos ayuden en el control de la colonización del tracto gastrointestinal limitando su distribución por la cadena alimentaria, en este trabajo se han llevado a cabo técnicas de microscopía electrónica y con focal, citometría de flujo, ensayos de invasión y ensayos de captura de ligando utilizando como modelo experimental infecciones in vitro de líneas celulares procedentes de epitelio intestinal porcino (IPI-2I) y humano (INT-407) con *C. jejuni* y *C. coli*. Los resultados muestran que a pesar de que en humano, donde *Campylobacter* es una especie patógena, el grado de interacción con la bacteria es mucho mayor que en el hospedador porcino, *Campylobacter* se adhiere e invade las células porcinas. Asimismo, mediante ensayo de captura de ligando se identificaron receptores celulares encargados del reconocimiento de *Campylobacter* en las células epiteliales humanas (proteína CLMP) y porcinas (proteína MadCAM), siendo en cada caso proteínas diferentes, lo cual pudiendo estar señalando al receptor MadCAM como posible proteína importante en el proceso de colonización del intestino porcino.

## Estructura demográfica y genealógica de siete razas de ganado bovino de carne español

Cañas-Álvarez, J.J., González-Rodríguez, A., Martín-Collado, D., Avilés, C., Altarriba, J., Baro, J.A., De la Fuente, F., Díaz, C., Molina, A., Varona, L., Piedrafito, J.

Presenta: Jhon Cañas Álvarez

El análisis demográfico y genealógico es una poderosa herramienta para describir la estructura y la evolución genética de las poblaciones. Dado que el tamaño de las poblaciones varía y que las estrategias de selección son dinámicas, se aconseja realizar periódicamente este análisis. Las razas estudiadas son Asturiana de los Valles (AV), Avileña – Negra Ibérica (ANI), Bruna dels Pirineus (BP), Morucha (Mo), Pirenaica (Pi), Retinta (Re) y Rubia Gallega (RG). Se dispuso de toda la información registrada desde la fundación de los libros genealógicos hasta el año 2009. Los distintos parámetros demográficos y genéticos se estimaron mediante los programas ENDOG versión 4.6 (Gutiérrez y Goyache, 2005) y POPREP (Groeneveld et al., 2009). En particular, se analizó la estructura demográfica, la concentración del origen de los genes y la evolución de la endogamia y representación genética de los animales en la población. Como puntos de referencia se tomaron las estimaciones relativas a los años 1998, 2003 y 2009. El número de animales registrados aumentó claramente entre 1998 y 2003, si bien tendió a



estabilizarse posteriormente. El número de nacidos en el año 2009 oscila entre los 2223 de Mo y los 21418 de AV. En ninguno de los rebaños de las distintas razas se usaron exclusivamente como reposición sus propios animales, lo cual impide clasificarlas como núcleo. Los intervalos generacionales oscilaron entre 4,8 y 7,7 años, con valores más altos siempre en la vía materna. La profundidad de la información genealógica es muy variable entre razas, oscilando el número equivalente de generaciones entre 1,01 y 1,30 para BP y AV, mientras que en Re y Pi alcanzó 3,77 y 4,62. En todas las razas hubo animales cuya consanguinidad se situó en el entorno del 50%, si bien la consanguinidad promedio osciló entre 0,0062 y 0,0722. El tamaño efectivo calculado a partir del incremento de endogamia por generación se situó en torno a 45 para ANI, Mo y Re, superando el valor de 100 en el resto de las poblaciones. El número efectivo de fundadores también fue extremadamente variable, oscilando entre 76 y 838. Esta investigación forma parte del proyecto AGL2010-15903, "Información genómica y selección en las razas autóctonas de vacuno de carne en España".

### **Efecto del enriquecimiento auditivo en los niveles de estrés y miedo de pollitos de razas ponedoras**

Dávila, S.G., Campo, J.L., Gil, M.G., Prieto, M.T., Torres, O.

Presenta: Sara García Dávila

El enriquecimiento ambiental, definido como una mejora de las funciones biológicas de los animales en cautividad resultado de modificaciones en su ambiente, ha sido ampliamente investigado en los últimos años. El objetivo del presente estudio fue analizar el efecto del enriquecimiento ambiental con música clásica en el cociente entre heterófilos y linfocitos, la asimetría fluctuante de 4 caracteres bilaterales (longitud de ala, longitud de dedo, longitud de pata y anchura de pata) y la duración de la inmovilidad muscular, en pollitos de varias razas de gallinas de puesta. Se analizaron 192 pollitos de 8 razas españolas de gallinas y una población Leghorn Blanca que fueron alojados en jaulas con o sin enriquecimiento auditivo hasta la edad de 8 semanas. El efecto del enriquecimiento auditivo fue significativo para el cociente entre heterófilos y linfocitos ( $P < 0,05$ ). El cociente fue mayor en los pollitos alojados sin música que en los alojados con música, sugiriendo que el enriquecimiento auditivo reduce los niveles de estrés en los pollitos. Había diferencias significativas ( $P < 0,05$ ) para la asimetría relativa de 2 caracteres (longitud de ala y anchura de pata) y la asimetría relativa combinada de los 4 caracteres, siendo mayor en los pollitos alojados sin música. Este resultado sugiere que la asimetría fluctuante es un buen indicador de los niveles de estrés en pollitos, dado que sigue la misma tendencia que la observada para el cociente entre heterófilos y linfocitos. Se observó una interacción significativa entre la raza y el tratamiento ( $P < 0,05$ ) en la duración de la inmovilidad muscular, variando el efecto del enriquecimiento auditivo de raza a raza. Las diferencias fueron significativas sólo para la Castellana Negra, con menor duración de la inmovilidad muscular en el grupo de pollitos alojados con música. Este resultado indica un efecto no consistente del enriquecimiento auditivo en la duración de la inmovilidad muscular. En conclusión, el enriquecimiento auditivo es un método eficaz para reducir los niveles de estrés en pollitos de razas ponedoras.



## Identificación de regiones del genoma porcino asociadas a caracteres productivos en un cruce experimental (GWAS & mapeo por ligamiento)

Fernández, A.I., Barragán, C., Ibáñez, N., Folch J.M., Silió, L., Rodríguez, C.

Presenta: Ana Isabel Fernández Ávila

Los estudios de asociación genómica (GWAS) constituyen la aproximación más empleada para el análisis con datos de genotipado de alta densidad de SNPs. Sin embargo, la combinación de esta aproximación junto con otra más clásica, como es la identificación de regiones QTL mediante análisis de ligamiento, puede facilitar la interpretación de los resultados obtenidos. En un trabajo previo de detección de QTLs mediante análisis de ligamiento en tres generaciones del cruce experimental Ibérico x Landrace (F3 y dos retrocruces: F1 x Landrace y F2 x Landrace) y utilizando información del genotipado del chip de alta densidad de SNPs Porcine60K BeadChip, se identificaron 15 QTLs ( $q$ -value  $<0.10$ ) con efectos sobre el espesor de tocino dorsal a 75 kg (ETD) y pesos de paleta (PPa) y costillar (PCo) en los cromosomas 1, 2, 4, 5, 6, 9, 11, 14 y 17. En el presente trabajo se ha realizado un GWAS utilizando la misma información fenotípica y genotípica: registros de pesos, deposición grasa y rendimiento de piezas de 321 animales y sus correspondientes genotipos para 8.417 SNPs distribuidos uniformemente a lo largo de los 18 autosomas. Los resultados de este análisis han permitido identificar un total de 88 SNPs significativamente asociados con los caracteres analizados ( $q$ -value  $<0.10$ ). Ambas aproximaciones, análisis de ligamiento y GWAS, coinciden en la identificación de regiones QTL con efectos sobre PPa en SSC1 (102-104 cM) y SSC4 (57-64 cM) y sobre ETD en SSC4 (102-109 cM) y SSC5 (71-88 cM). De hecho, el SNP que muestra mayor asociación en SSC4 para ETD se localiza próximo al gen *AGL*, potente candidato identificado durante el estudio de detección de QTLs mediante ligamiento. Sin embargo, el GWAS aporta información diferente en cuanto al resto de resultados: 4 SNPs mostraron asociación con el peso a 150d en los cromosomas 7 y 12; 13 SNPs con ETD en el cromosoma 11; 8 SNPs con el peso de los jamones en los cromosomas 1, 3, 11 y 12; 62 SNPs con PPa en los cromosomas 2, 3, 7, 8, 9, 11, 12 y 16 y un SNP con PCo en el cromosoma 9. Los resultados de este estudio muestran que a pesar de que ambas aproximaciones se basan en diferentes supuestos, la combinación de los resultados nos ha permitido dar mayor veracidad a algunas regiones QTL y complementar los análisis previos con la detección de otras.

## Utilización de microsatélites para la asignación racial y determinación del parentesco en razas españolas de gallinas

Gil, M.G., Dávila, S.G., Resino-Talaván, P., Campo, J.L.

Presenta: M<sup>a</sup> Concepción García Gil

En un programa de conservación, la caracterización molecular de una raza puede complementar otros criterios utilizados para la descripción del patrón racial, tanto culturales, como sociales, históricos, fenotípicos etc. El uso de estas herramientas puede mejorar tanto la conservación como la gestión de las poblaciones, examinando la estructura de la población, el flujo genético, las paternidades, y controlando el sistema de apareamiento. Los marcadores moleculares nos proporcionan, una información objetiva que nos permite estimar si un animal pertenece a una determinada raza. Por otra parte, con los marcadores moleculares y en especial con los



microsatélites, debido a su elevado polimorfismo, podemos estimar la probabilidad de excluir la paternidad de un individuo "al azar", la cual se incrementa con la utilización de varios marcadores, y es de gran interés en un programa de conservación a la hora de la elección de los reproductores. En este trabajo hemos evaluado el potencial de 24 marcadores microsatélites, empleados en un estudio previo de diversidad genética en razas españolas de gallinas, para asignar individuos a razas y realizar controles de paternidad. Se han utilizado 13 razas españolas, una población control de Leghorn Blanca y una línea genética recesiva. Los resultados muestran un alto número de asignaciones correctas de individuos a raza (90%). En las poblaciones estudiadas observamos 11 alelos específicos de raza, así como alelos fijados en algunas poblaciones para 8 de los 24 microsatélites estudiados. El contenido de información polimórfica media fue de 0,59 y las probabilidades medias de exclusión de uno de los parentales o de ambos era 0,27 y 0,58 respectivamente. La probabilidad combinada de exclusión de paternidad de un parental fue del 0,99 y para ambos parentales fue de 1. Los resultados obtenidos indican la utilidad de este panel de marcadores microsatélites para la caracterización genética a nivel individual, así como una capacidad para discriminar paternidades, lo que muestra su potencial utilidad en programas de conservación de gallinas.

### Determinación del modelo de valoración genética para los caracteres morfológicos lineales en el caballo Pura Raza Española

Navarro, D., Sánchez, M.J., Gómez, M.D., Valera, M., Azor, P.J.

Presenta: M<sup>a</sup> José Sánchez Guerrero

La Calificación Morfológica Lineal (CML) es un sistema de calificación mucho más objetivo que los sistemas clásicos de evaluación de la conformación (puntos otorgados por jueces), donde influyen en gran medida el concepto del ideal de caballo que posea el juez. En el caso del caballo de Pura Raza Española (PRE), este problema de subjetividad a la hora de evaluar la conformación se intentó solucionar con la implantación del sistema de CML. Al ser un sistema de evaluación que lleva poco tiempo implantado en la raza (desde el año 2008) aún tiene como inconveniente la posibilidad de que, en ocasiones, los calificadores realizan valoraciones que se desvían de los valores reales o puedan estar condicionados por factores externos como el concurso donde se realiza la calificación y la categoría de éste. Por ello, con suficiente entrenamiento de los calificadores, en los modelos utilizados para valorar genéticamente los caracteres morfológicos lineales, no sería preciso incluir al calificador o al concurso como efectos fijos. Con la finalidad de determinar el mejor modelo actual de valoración genética de los caracteres morfológicos lineales, en este trabajo se compararon 6 modelos de valoración diferentes con medidas repetidas que diferían en la inclusión o no del calificador y del concurso, estimándose para estos 6 modelos el *criterio de información de la desviación* (DIC) y el *logaritmo de la ordenada de predicción condicional* (LogCPO). De acuerdo a los resultados obtenidos se ha determinado que el modelo más adecuado ha sido el que ha incluido la combinación calificador-concurso como un único factor fijo, evidenciándose que aún es precisa una mejora del sistema de calificación morfológica lineal en el caballo de Pura Raza Español.





## Evaluación del sistema de conexión apoyada en estación del núcleo de control cárnico de la raza Merino Español

Osorio, J., Serradilla, J.M., Barajas, F., Medina, C., Calero, R., Molina, A.

Presenta: Jorge Osorio Avalos

La conexión entre rebaños hace posible definir a un grupo de animales que al ser estimados los valores genéticos puedan ser estos comparados. Este estudio fue conducido para cuantificar el nivel de conexión entre rebaños en la raza Merina que no basa la conexión genética del Núcleo de Control Cárnico en un sistema clásico de machos de referencia (sin uso de la inseminación artificial). Para ello se ha utilizado la metodología de parámetros de los coeficientes de determinación (contrastes) conocida como *Criterion of Admission to the Group of Connected Herds*, implementada en un modelo Animal de la evaluación BLUP. La estimación de contrastes de los coeficientes de determinación entre los niveles genéticos en 47 rebaños fue aplicado para el período 2000 al 2011. Para la evaluación genética se utilizó un modelo animal unicaracter con 86879 datos de corderos con peso a los 75 días de edad, que fueron hijos de 2011 sementales y 40356 ovejas. La determinación de los conjuntos de rebaños conectados se logró mediante el uso de un método de clustering (aglomeración jerárquica). Se encontró que globalmente presentan un coeficiente de determinación promedio aceptable en los sementales (0,621), que valida al sistema de conexión indirecta que sigue esta raza. Los valores estimados de confiabilidad de los coeficientes de determinación se mostraron fuertemente afectados por el número de crías controladas de cada semental; así que fue menor cuando los sementales presentaban <30 descendientes (coeficiente de determinación promedio de 0,418), que cuando tenían un número superior de crías controladas (hasta un coeficiente de determinación promedio de 0,916, con >150 crías). La estimación de contrastes de los coeficientes de determinación entre los niveles genéticos entre rebaños fue de 0,729, considerando con esto conectados los 47 rebaños del Núcleo Control Cárnico (100%) presentando contrastes con valores superiores a 0,40. Estos resultados muestran que evaluar las conexiones basados en sistemas de reproducción por monta natural utilizando un modelo animal para la característica del peso a los 75 días de edad en corderos Merinos, proporciona una alta confiabilidad en la comparación de los valores genéticos a pesar del escaso uso de la inseminación artificial en el Merino Español.

## Estructura genética de la raza Bovina de Lidia

Pelayo, R., Azor, P.J., Anaya, G., Molina, A., Valera, M.

Presenta: Rocío Pelayo García

En la raza de Lidia se han formado encastes a través de la selección realizada a partir de las castas fundacionales de procedencia, o a partir de diversos cruzamientos entre castas o encastes del mismo tronco. En este estudio se ha realizado un análisis de la variabilidad y la estructura de la población de esta raza para lo que se han genotipado para 17 marcadores moleculares de tipo microsatélite 782 animales pertenecientes a 14 poblaciones de las cuales 9 de ellas se correspondían con 9 encastes y 5 de ellas con cruces entre dos de estos encantes. Todos los animales pertenecían a 26 ganaderías. Se determinó la variabilidad genética de la población y se calculó la estructura de la misma con los estadísticos F de Wright, un análisis factorial de correspondencias (AFC), distancias genéticas de Cavalli-Sforza & Edwards (1967) y



flujo de genes. Los resultados obtenidos muestran que la heterocigosis observada ( $H_o = 0,575$ ) es menor que la esperada ( $H_e = 0,695$ ) como consecuencia de fenómenos poblacionales como la subdivisión o cuellos de botella. De la misma forma se ha visto que la diferenciación genética entre los encastes analizados es marcada ( $F_{ST} = 12,10\%$ ) y aún más entre ganaderías ( $F_{ST} = 16,46\%$ ). Sin embargo, cuando se ha estimado la tasa de migración reciente entre las ganaderías, se ha observado que algunas explotaciones pertenecientes al mismo encaste tienen un bajo flujo genético. Es importante aumentar esta migración genética entre encastes para evitar el aislamiento y la pérdida de diversidad genética de los mismos.

### Contribución del macho a la prolificidad en etapas tempranas de la gestación

Piles, M., Mocé, M.L., Laborda, P., Santacreu, M.A.

Presenta: Miriam Piles Rovira

El objetivo de esta investigación fue evaluar la contribución del macho al número de embriones implantados y la supervivencia embrionaria en conejo. En las especies prolíficas, estos caracteres pueden considerarse como medidas de fertilidad, ya que indican el número y la tasa de óvulos fecundados que son capaces de iniciar el desarrollo embrionario. Este estudio se desarrolló en una línea de conejos seleccionada por tasa de ovulación durante 10 generaciones. Los caracteres registrados fueron: la tasa de ovulación (OR, estimada como el número de cuerpos lúteos en los ovarios), el número de embriones implantados (IE, estimado como el número de puntos de implantación) y la supervivencia embrionaria (ES, calculada como  $IE / OR$ ), todos ellos medidos a los 12 días de gestación mediante laparoscopia. Se utilizaron un total de 1.477 registros procedentes de 900 hembras para el análisis de OR, y 1.081 registros para el análisis de IE y ES. El número de animales en el pedigrí fue de 1,107. La heredabilidad de la contribución del macho a IE y ES fue baja (0,05 [0,01, 0,10] y 0,07 [0,02, 0,12]), aunque podría ser mayor si se tiene en cuenta que las laparoscopias se realizaron únicamente en hembras gestantes. Las correlaciones genéticas entre todas las variables analizadas y también entre los componentes genéticos de la contribución del macho y de la hembra para IE y ES se estimaron con gran imprecisión por lo que no es posible extraer conclusiones válidas acerca de ellas. Como era de esperar, la proporción de la variación debida a los efectos permanentes de macho para IE y ES fue casi insignificante (0,027 [0,001, 0,058] y 0,031 [0,002, 0,068], respectivamente), siendo el repetibilidad de la contribución del macho a IE y ES alrededor del 8% y 10%, respectivamente.

### Selection for feed efficiency – a cautionary note

Rauw, W.M.

Presenta: Wendy Rauw

Sustainable intensification of livestock production is a necessary obligation to feed more people and reduce global hunger. Feed efficiency is an important trait in this context, however, the question is what is the optimum value and which may be the consequences of selecting a too feed efficient animal. Improvement of production levels and of feed efficiency is thought to explain the undesirable correlated effects of selection for high production efficiency in livestock species.



Calculation of residual feed intake can be used to deal with such resource allocation matters. Although several metabolic processes are wasteful from a production perspective, they are essential for life and necessary for metabolic regulation and adaptation. Therefore, selection against these traits should proceed with caution. There is a movement towards a greater emphasis in breeding programs on traits associated with good welfare. Breeding goals that include robustness traits are required in the implementation of more sustainable agricultural production systems. Increased and combined efforts will result in better welfare of our livestock in the future.

### **Diseño de un índice multicarácter para la selección precoz de la aptitud para la Doma Clásica en el caballo de Pura Raza Española a partir de caracteres morfológicos lineales: resultados preliminares**

**Sánchez, M.J., Valera, M., Navarro, D., Gómez, M.D., Molina, A.**

Presenta: M<sup>a</sup> José Sánchez Guerrero

La valoración morfológica del caballo Pura Raza Española (PRE) para caracteres relacionados con la funcionalidad (especialmente para la Doma Clásica) es actualmente uno de los mayores retos a afrontar dentro del Programa de Mejora de esta Raza. Una vez puesta a punto la metodología de Calificación Morfológica Lineal (CML), se vienen recogiendo de forma sistemática (desde el año 2008) las calificaciones morfológicas de los animales PRE participantes en los concursos morfológicos y en las Pruebas de Selección de Caballos Jóvenes (PSCJ) de Doma Clásica (desde el año 2011), con el objetivo de diseñar un índice multicaracter que permita realizar, a edades tempranas (4-6 años), una preselección de los animales que, por su morfología, presenten aptitud para esta disciplina. Este trabajo pretende ser una primera aproximación a la selección de los caracteres morfológicos lineales que más influencia manifiesten en la aptitud para la Doma Clásica. Para la realización de este estudio se dispuso de calificaciones de 375 PRE (328 machos y 47 yeguas) que contaban con un total de 3.997 registros fenotípicos de la puntuación de Doma Clásica (nota de reprise) y 738 registros de CML, así como de sus correspondientes valores genéticos para dichas variables (valor genético para 31 variable morfológica y para la variable de reprise de Doma). El análisis estadístico (basado en la selección stepwise con modelos glm) fue abordado tanto a nivel de datos fenotípicos como utilizando los valores genéticos. Con este mismo objetivo se organizó una ronda de discusión entre un comité de expertos en la que se determinó, a la vista de su experiencia, cual podría ser la morfología tipo de un caballo de aptitud para la Doma Clásica, y por tanto qué caracteres morfológicos lineales serían susceptibles de tener mayor influencia en la aptitud para esta disciplina ecuestre. El primer conjunto de variables seleccionada a partir de los datos fenotípicos incluyó como significativos dos rasgos primarios (longitud del antebrazo y distancia coxal-babilla) y un rasgo secundario (fidelidad racial). Cuando se utilizó los valores genéticos mostraron una influencia significativa cuatro caracteres lineales (unión cabeza-cuello, anchura de pecho y longitud de la pierna,) y dos caracteres secundarios (desarrollo muscular y la dirección trasera del corvejón). La preselección realizada por el comité de expertos fue mucho más amplia e incluyó 16 caracteres. El conjunto de variables lineales seleccionados fue sometido a un procedimiento de regresión superficie-respuesta para determinar el tipo de interrelaciones de dichas variables con la puntuación para la Doma Clásica y las clases óptimas de cada variable o



interacción de variables óptima para dicha puntuación. En general la mayoría de las variables significativas mostraron sólo una relación lineal con la puntuación para Doma Clásica, aunque en algunos casos fue significativo el producto cruzado entre variables. El análisis de la estructura canónica de la superficie de respuesta permitió en ambos casos determinar las clases capaces de determinar una mayor respuesta en la puntuación (aptitud) para la Doma Clásica.

### Caracterización genética de las razas equinas autóctonas españolas. Estudio preliminar

Solé, M., Gómez, M.D., Valera, M., Pelayo, R., Azor, P.J.

Presenta: Marina Solé Berga

En este trabajo se pretende analizar el nivel de variabilidad genética y las relaciones genéticas existentes entre doce razas equinas españolas, diez razas autóctonas (Pura Raza Española, Asturcón, Burguete, Caballo de Monte del País Vasco, Cavall Pirinenc Català, Hispano-Bretón, Jaca Navarra, Losina, Menorquina y Pottoka) y dos razas integradas (Pura Raza Árabe y Trotador Español). Para ello, se ha calculado el número medio de alelos por locus, la heterocigosidad observada y esperada de cada raza, un análisis de la estructura poblacional y las relaciones genéticas (estadísticos-F, flujo de genes, análisis factorial de correspondencias y distancias genéticas). El estudio se ha realizado a partir de la información molecular derivada de diecisiete marcadores microsatélites sobre un total de 331 ejemplares. Los resultados obtenidos, muestran la existencia de unos niveles altos de variabilidad genética en el conjunto global de razas analizadas ( $H_o = 0,66$ ). Aunque se ha detectado cierto nivel de consanguinidad individual dentro de cada raza ( $F_{IS} = 0,13$ ). Además, se han detectado fenómenos poblacionales como la subdivisión en alguna de las poblaciones, y la existencia de asociaciones genéticas entre grupos de razas, según su situación geográfica o el tiempo de divergencia.

### Perfil de expresión y variabilidad del gen Solute Carrier Family 27A4 (SLC27A4) porcino

Zidi, A., Melo, C., Gallardo, D., Quintanilla R., Castelló A., Jordana, J., Díaz, I., Amills, M., Pena, R.N. Amills M., Pena, R. N.

Presenta: Ali Zidi

Los objetivos del presente trabajo consisten en caracterizar (1) El perfil de expresión del gen *SLC27A4* porcino en distintos tejidos y (2) La variabilidad de este gen y su asociación con distintos caracteres vinculados al metabolismo lipídico en una población comercial Duroc. El análisis de expresión mediante PCR cuantitativa permitió determinar que el gen *SLC27A4* se transcribe de forma predominante en intestino e hígado, y a menores niveles en tejido adiposo, músculo y corazón. En este sentido, cabe destacar que estudios realizados en humano y ratón han permitido demostrar que *SLC27A4* es el principal transportador de ácidos grasos de cadena larga a nivel intestinal. Respecto al objetivo 2, la secuenciación parcial del gen *SLC27A4* en 15 cerdos Duroc permitió identificar un polimorfismo sinónimo *c.849C>T*. La realización de un análisis de asociación con caracteres lipídicos evidenció la existencia de una asociación sugestiva con el porcentaje de ácidos grasos saturados del músculo *gluteus medius*.



E-mail de contacto: [xvirmga@gmail.com](mailto:xvirmga@gmail.com)

Versión completa de las presentaciones: <http://acteon.webs.upv.es/> en el link Menorca 2012.