

Uso de herramientas Genómicas en Ciencia animal

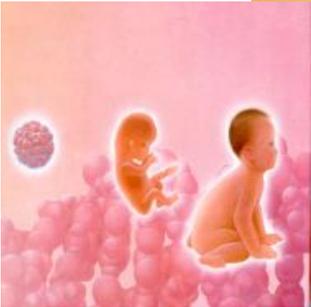
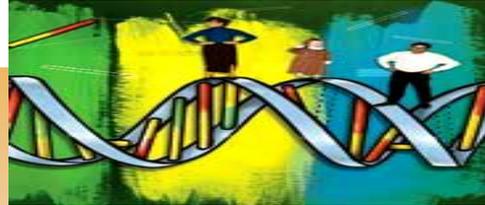
Jorge Hugo Calvo Lacosta



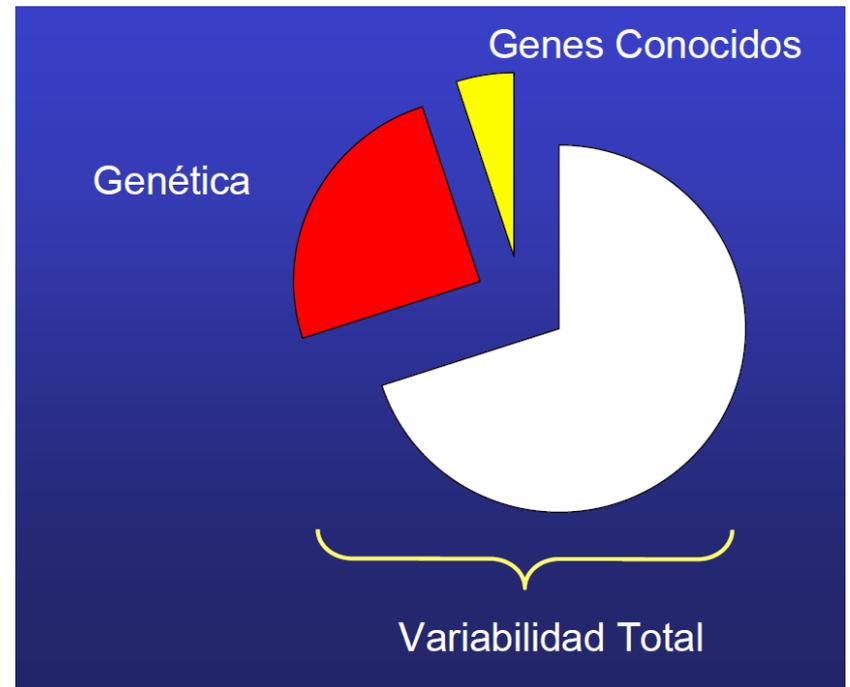
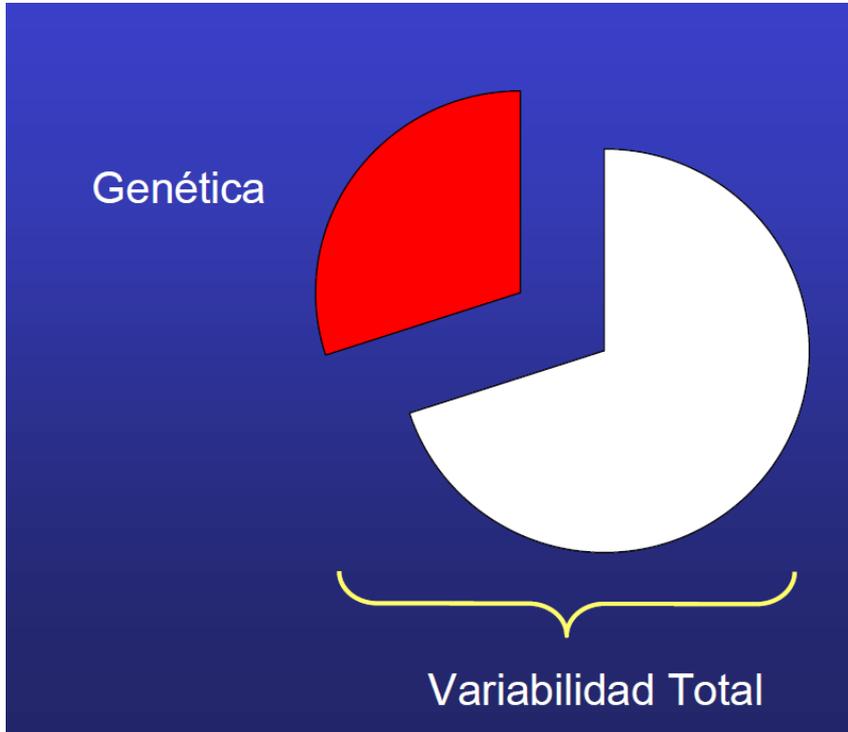
En el año 2003



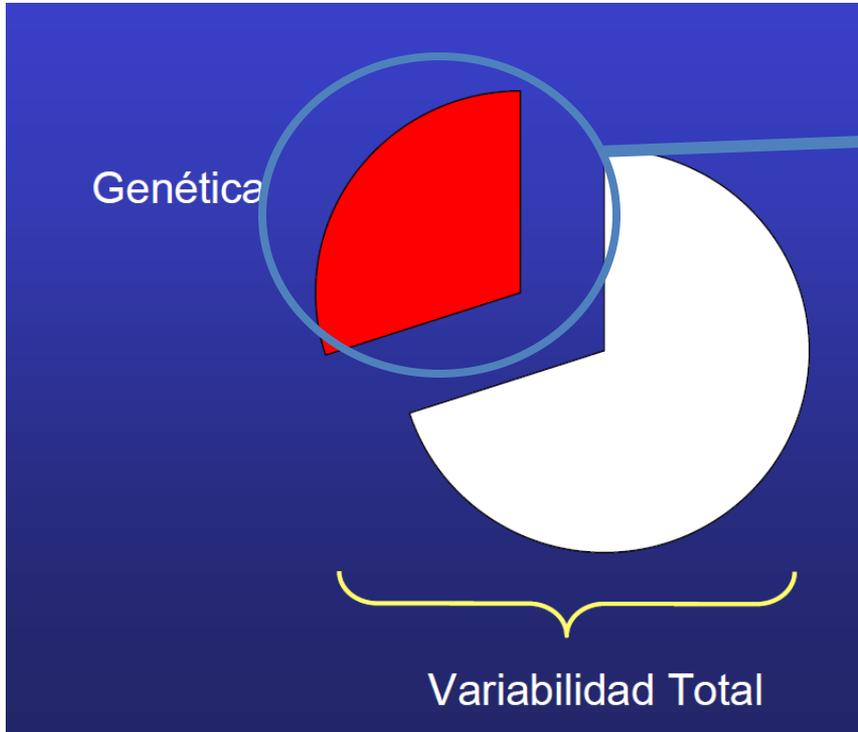
Fenotipo



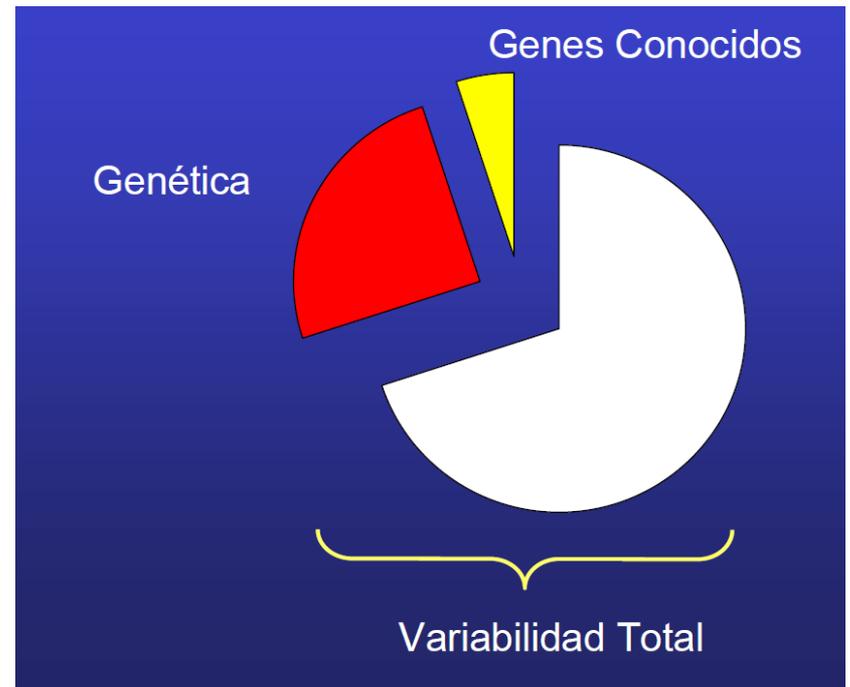
Fenotipo



Fenotipo



Heredabilidad



Hereditabilidad

Capacidad de transmisión de un carácter de los padres a la descendencia

Porcentaje de la variabilidad observada atribuible a los genes.

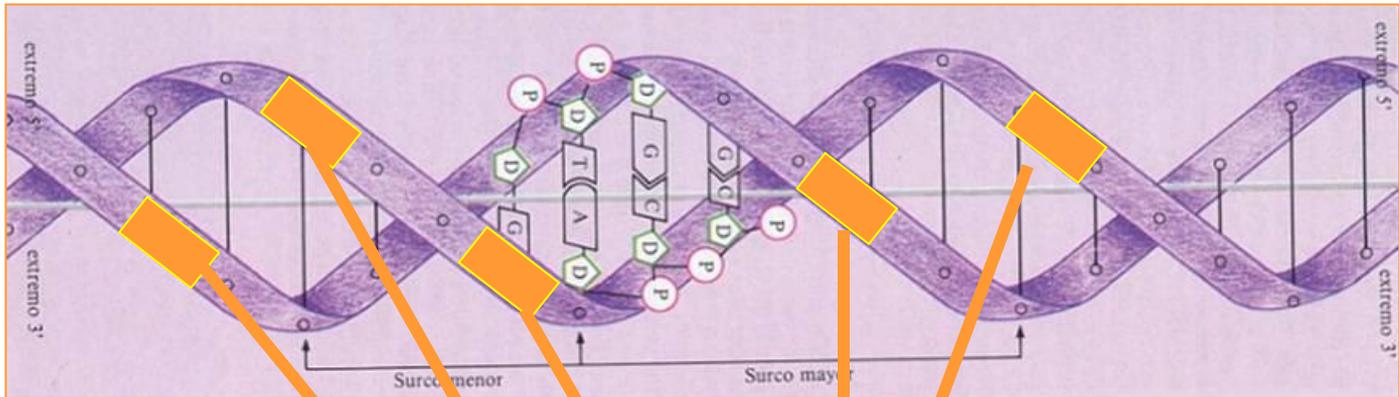
MATERNALES	<i>Fertilidad</i>	<i>0,05-0,15</i>
	<i>Prolificidad</i>	<i>0,05-0,20</i>
	<i>Capacidad lechera</i>	<i>0,25-0,32</i>
PESOS Y CRECIMIENTOS	<i>Peso nacimiento</i>	<i>0,2-0,3</i>
	<i>Peso destete</i>	<i>0,2-0,3</i>
	<i>Peso al año</i>	<i>0,3-0,4</i>
CALIDAD CANAL	<i>Rendimiento</i>	<i>0,25-0,4</i>
	<i>Longitud pierna</i>	<i>0,6-0,8</i>
	<i>Anchura grupa</i>	<i>0,3-0,4</i>
	<i>Calidad canal</i>	<i>0,2-0,4</i>

CLASES DE CARACTERES EN MEJORA GENETICA ANIMAL

- A) LOS QUE PRESENTAN HERENCIA POLIGENICA (MUCHOS GENES DE PEQUEÑO EFECTO)
- B) LOS QUE PRESENTAN HERENCIA MENDELIANA (GEN MAYOR O DE GRAN EFECTO)
- C) LOS QUE PRESENTAN HERENCIA POLIGENICA Y TIENEN UN GEN MAYOR (MUCHO GENES DE PEQUEÑO EFECTO Y UNO DE GRAN EFECTO)



Carácter poligénico



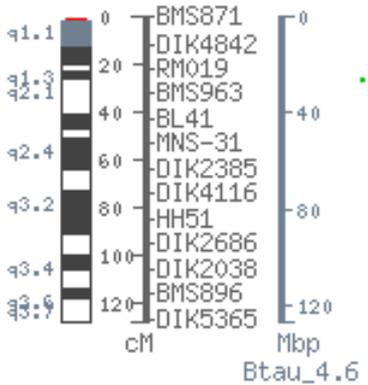
Tamaño



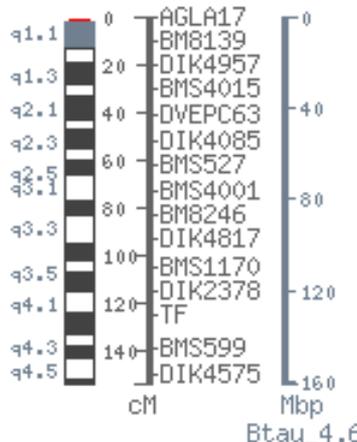
Carácter poligénico

Grasa en al leche

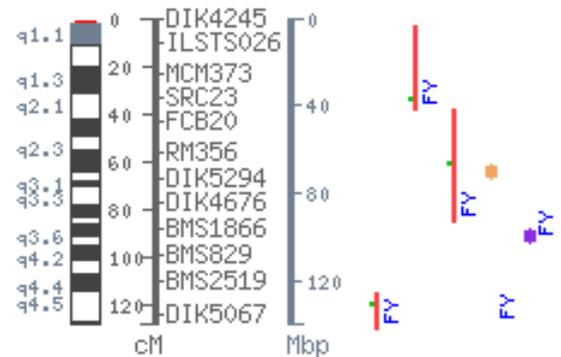
QTL Mapper v.2.019



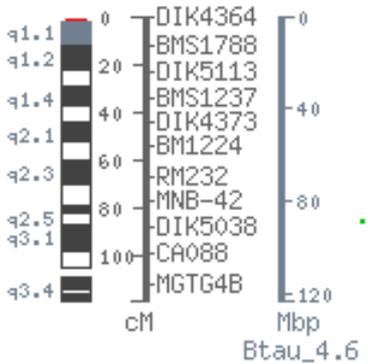
QTL Mapper v.2.019



QTL Mapper v.2.019

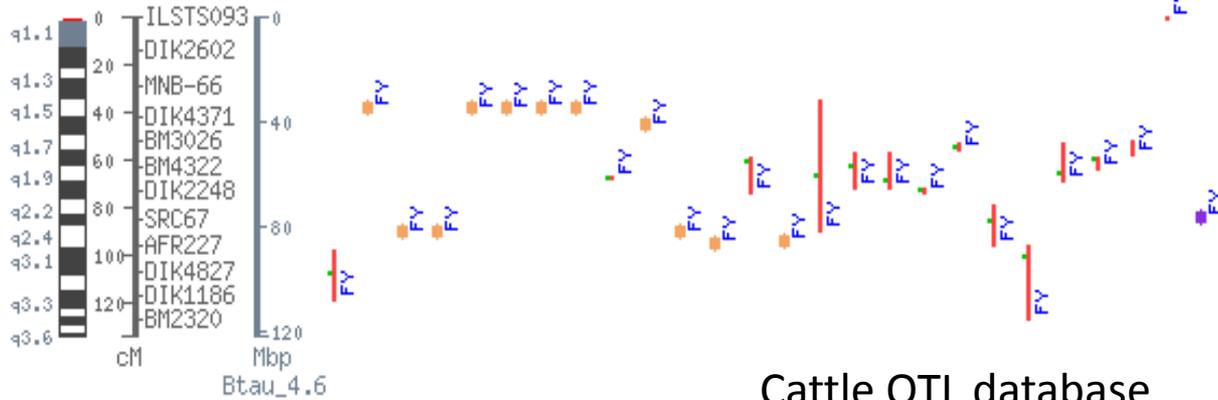


QTL Mapper v.2.019



iiiiSólo 5 cromosomas!!!!

QTL Mapper v.2.019



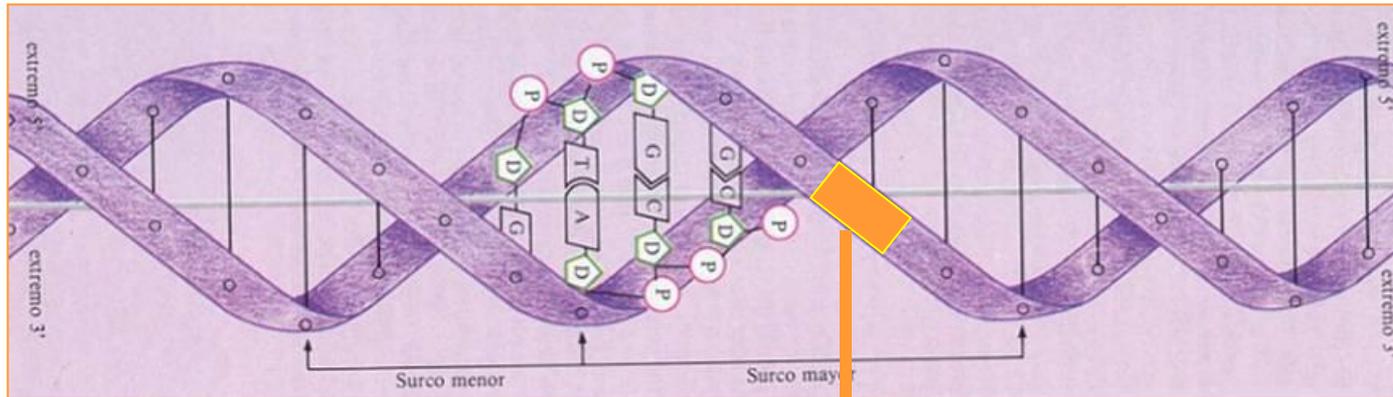
Cattle QTL database

CLASES DE CARACTERES EN MEJORA GENETICA ANIMAL

GENES DE GRAN EFECTO (GEN MAYOR) :

- UNO O POCOS GENES REGULA EL CARÁCTER
- POCOS ALELOS (2,3) DOMINANTES O RECESIVOS
- EN UN CROMOSOMA CONCRETO
- GRAN EFECTO
- EN ALGUNOS SE CONOCE LA SITUACION EN EL CROMOSOMA
- DADO UN FENOTIPO SE CONOCE EL GENOTIPO Y VICE-VERSA
- POCO SENSIBLE AL MEDIO AMBIENTE. NO SE CONFUNDEN LOS GENOTIPOS
- ES POSIBLE ESTUDIAR LA HERENCIA GEN A GEN

Gen mayor



Hipertrofia muscular



Gen mayor

SÍNDROME DE ESTRÉS PORCINO (SSP)

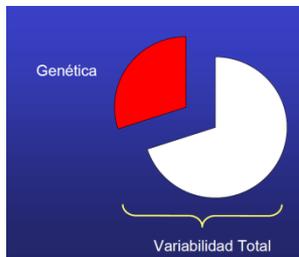


RYR1
(ARG615CIT)



Hipertrofia
muscular

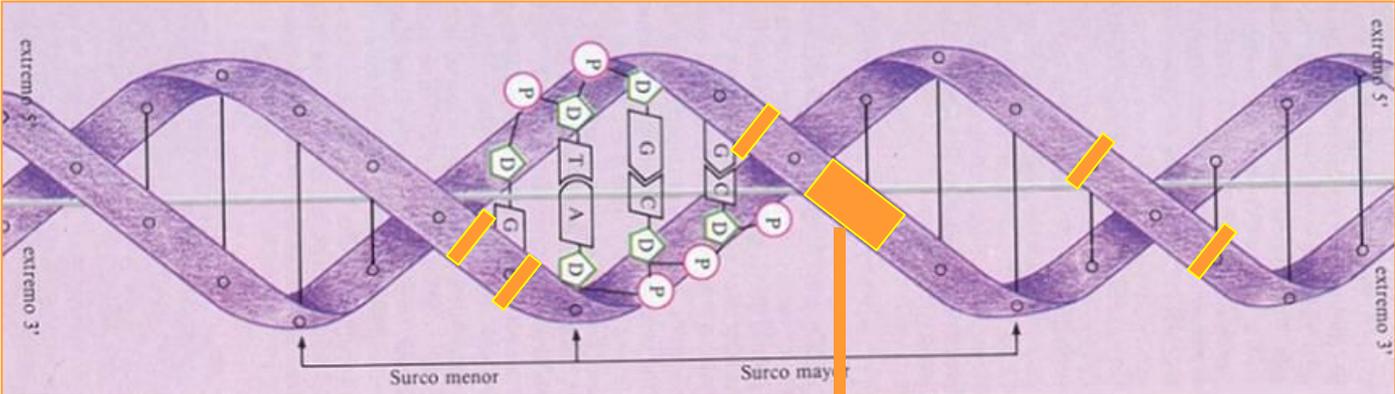
Carnes blandas,
pálidas y exudativas



Ambiente

Manejo adecuado y
tratamiento farmacológico

Gen Mayor + poligenes



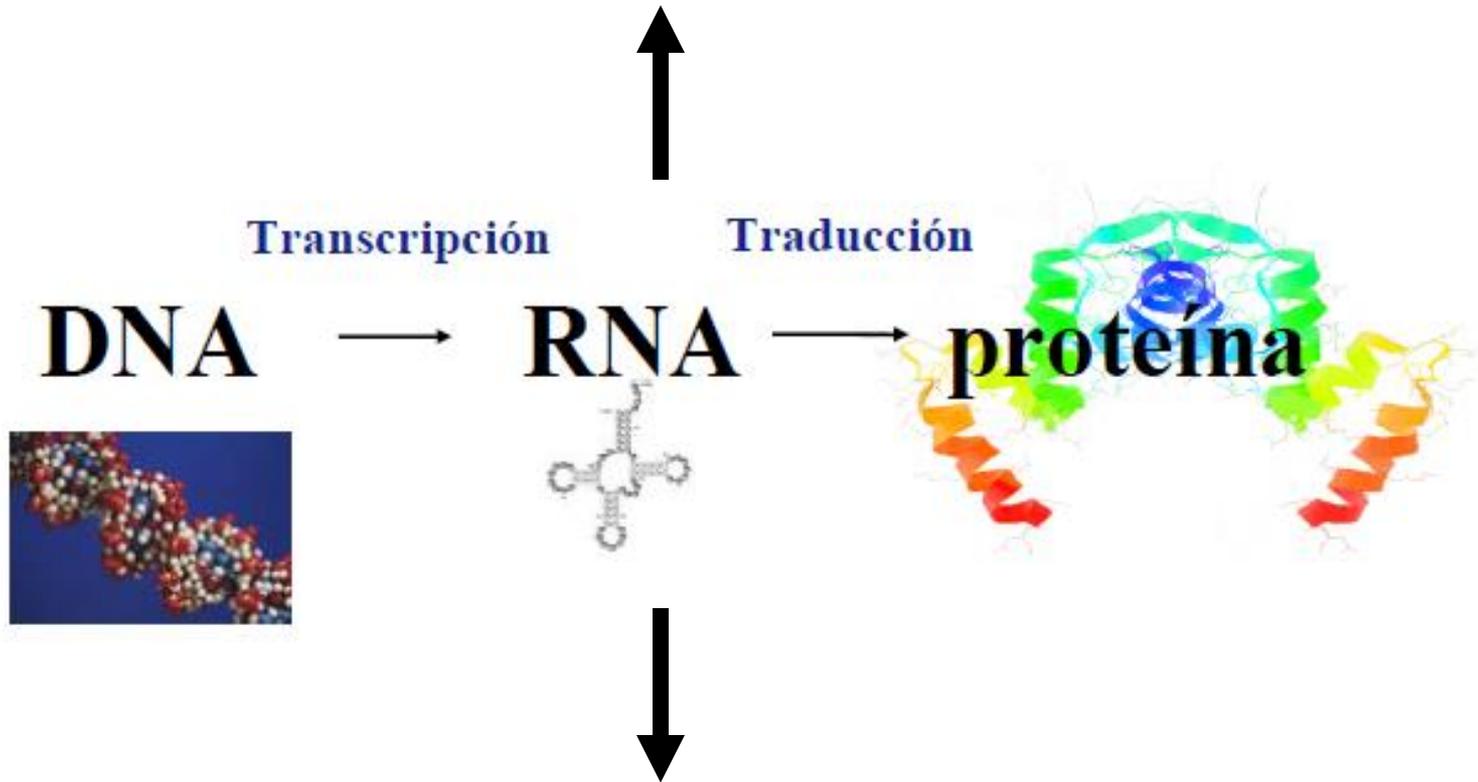
Dureza



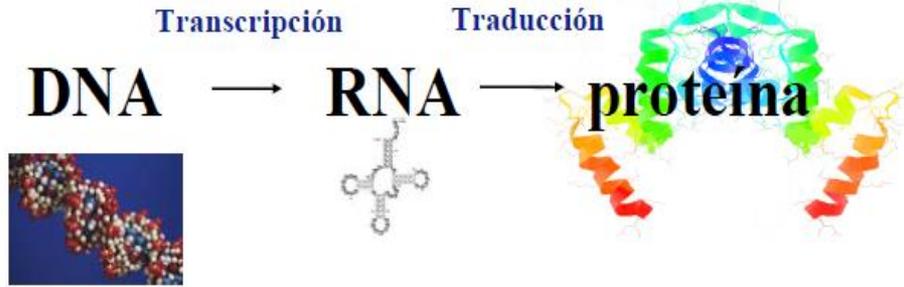
¿Cómo vamos a analizar el ADN?



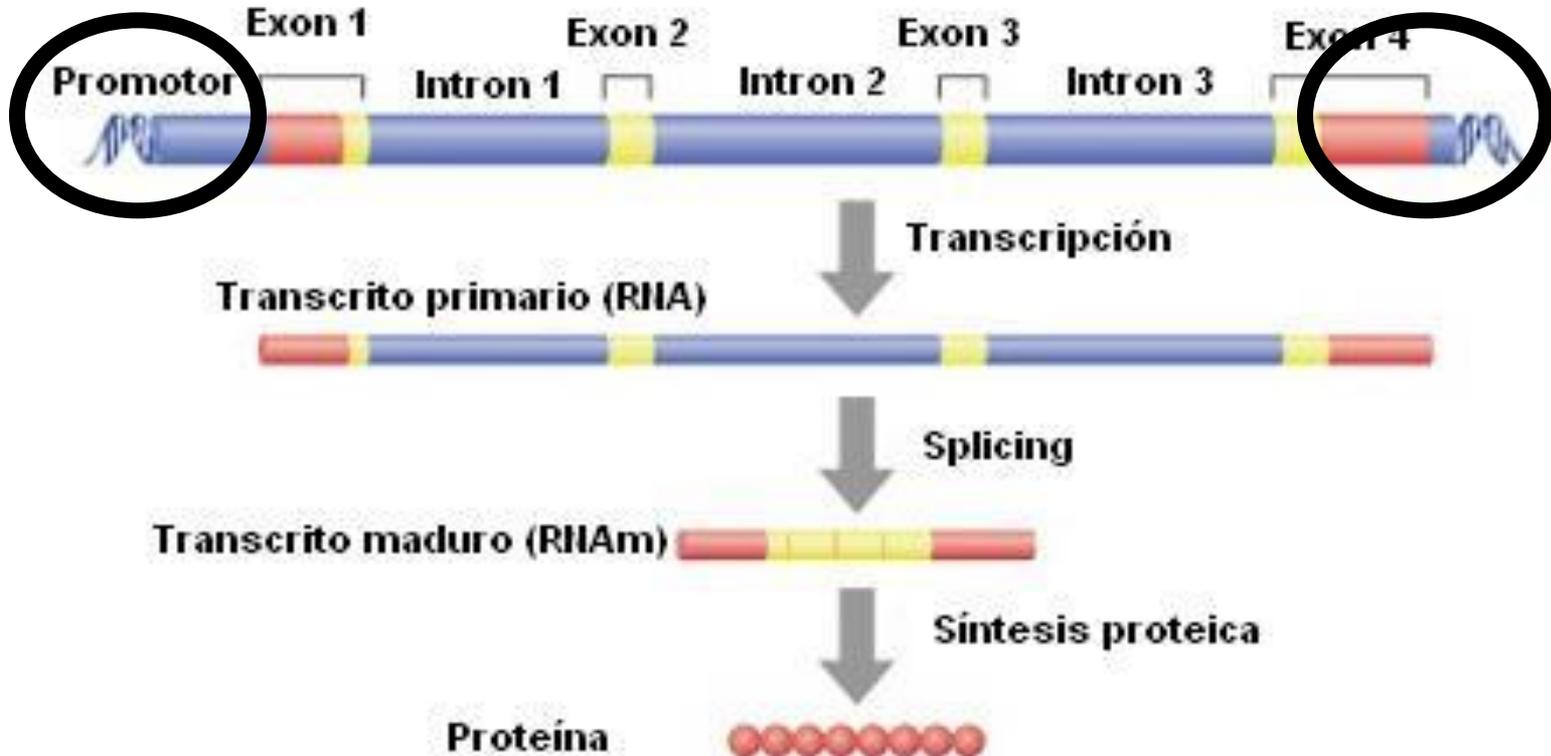
PLATAFORMAS DE ANÁLISIS DE BAJA DENSIDAD



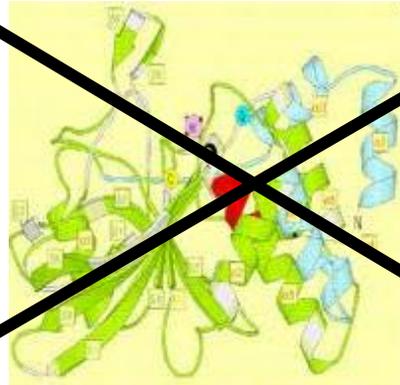
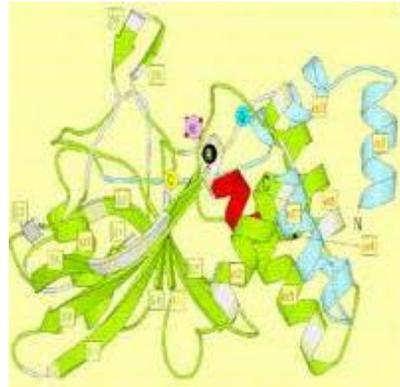
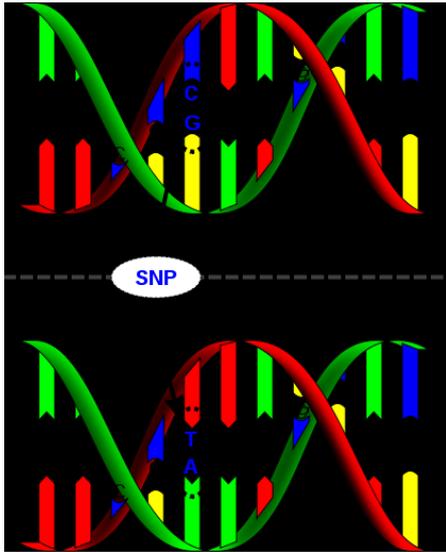
PLATAFORMAS DE ANÁLISIS MASIVOS DE ALTA DENSIDAD



GEN (DNA)

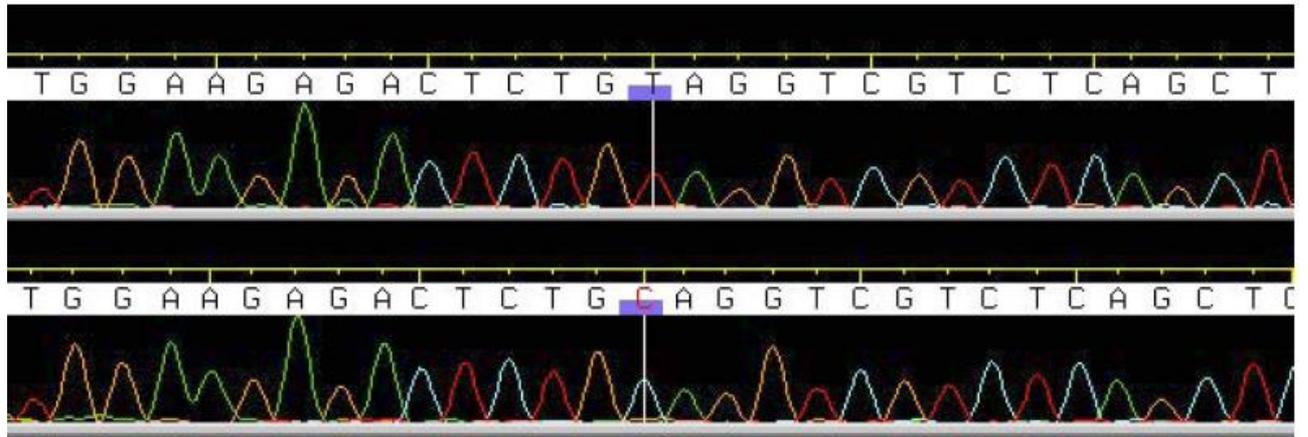


SNPs



C

T



PLATAFORMAS DE ANÁLISIS DE BAJA DENSIDAD

Transcripción

Traducción

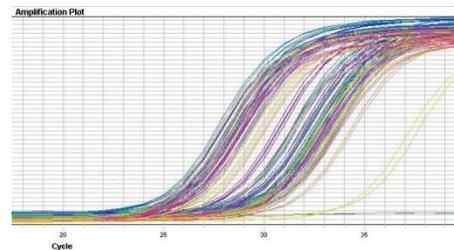
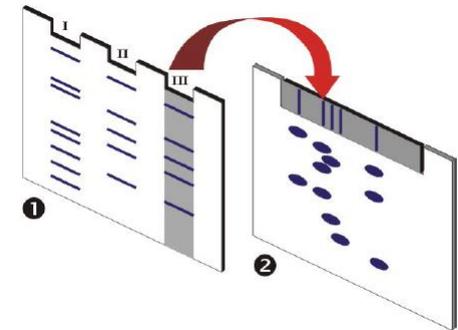
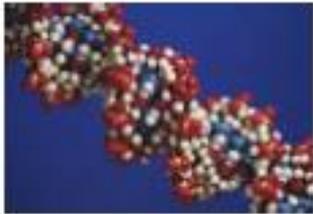
DNA



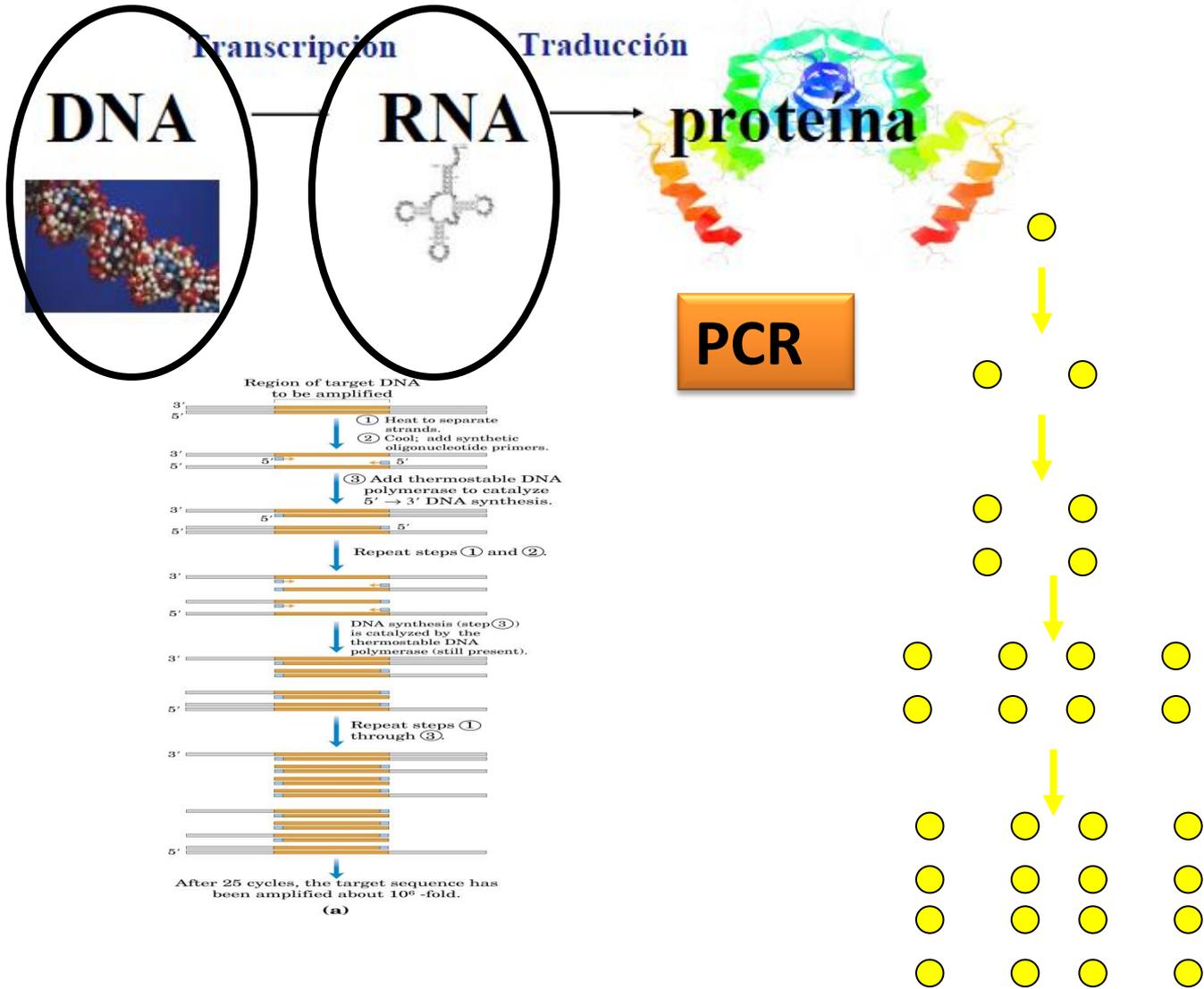
RNA



proteína



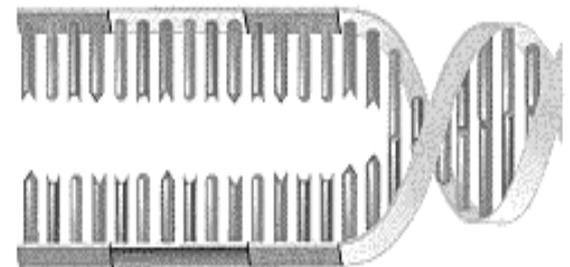
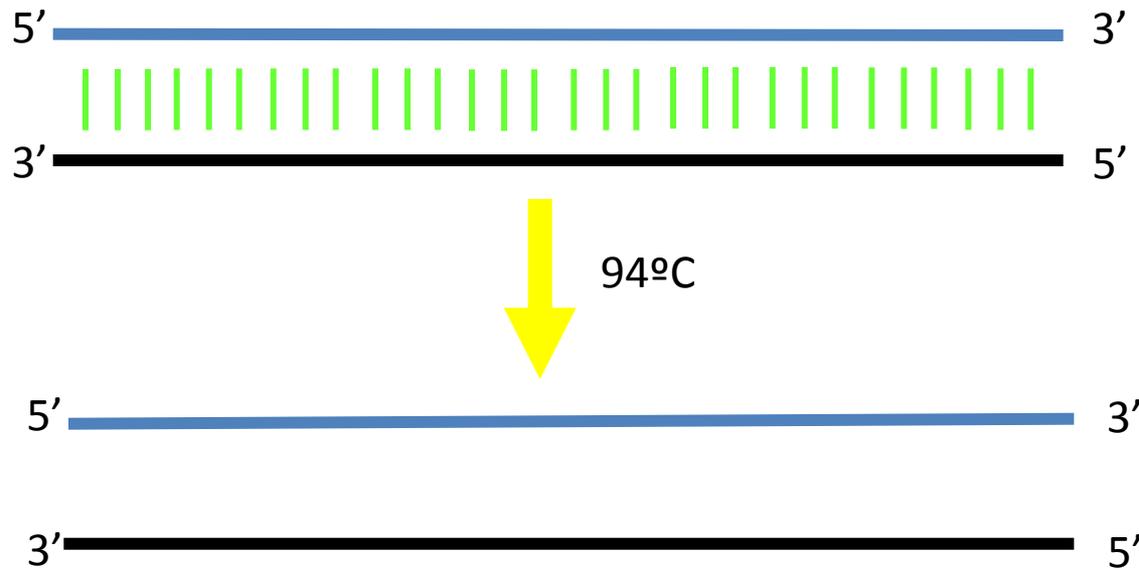
PLATAFORMAS DE ANÁLISIS DE BAJA DENSIDAD



Reacción en cadena de la polimerasa – PCR

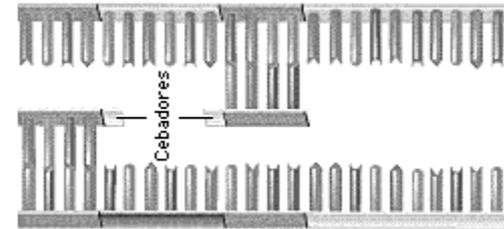
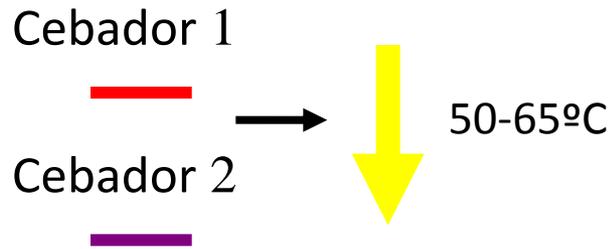
Ciclos y temperaturas

Paso 1, Desnaturalización las dos cadenas de DNA a alta temperatura (~93-97°C)



Reacción en cadena de la polimerasa - PCR

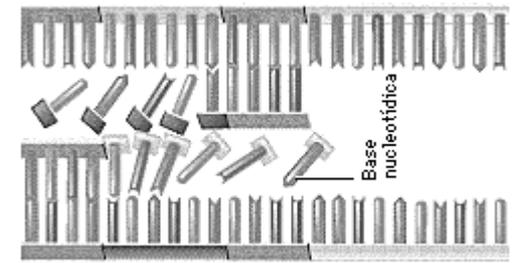
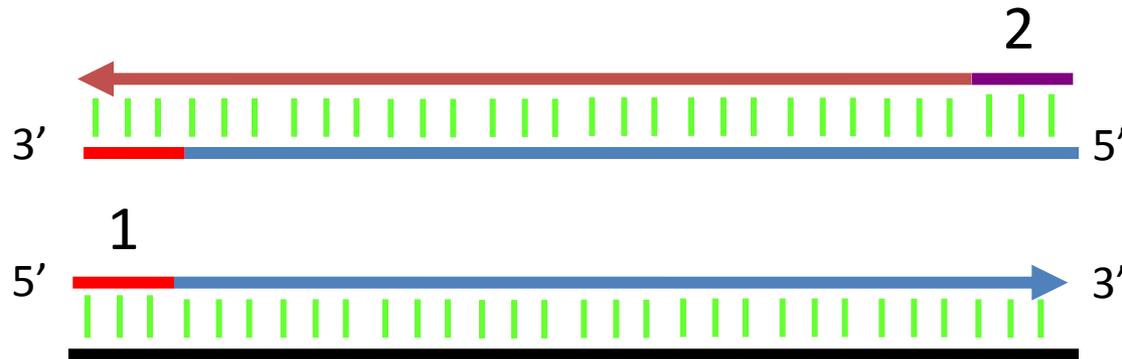
Paso 2, Hibridación de los cebadores a temperatura de 50-65°C



Optimización de la temperatura de hibridación, alrededor de 5°C

Reacción en cadena de la polimerasa - PCR

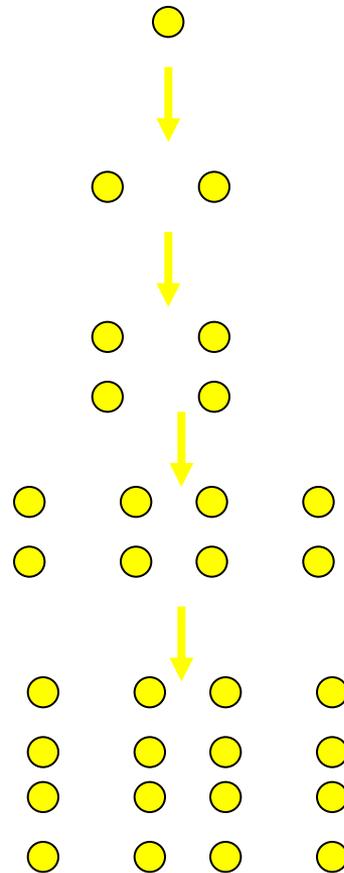
Paso 3, extensión usando los cebadores, se copia la nueva cadena con la DNA polimerasa a una temperatura de 72°C



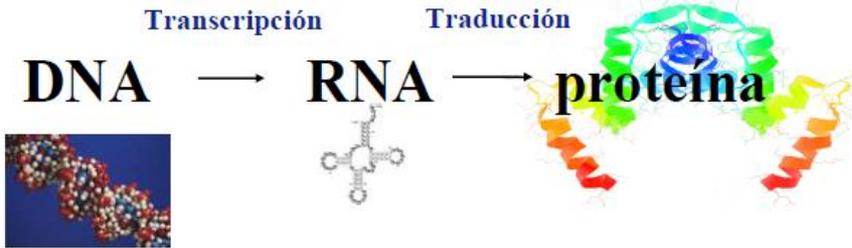
Ahora tenemos dos copias de la molécula original

PLATAFORMAS DE ANÁLISIS DE BAJA DENSIDAD

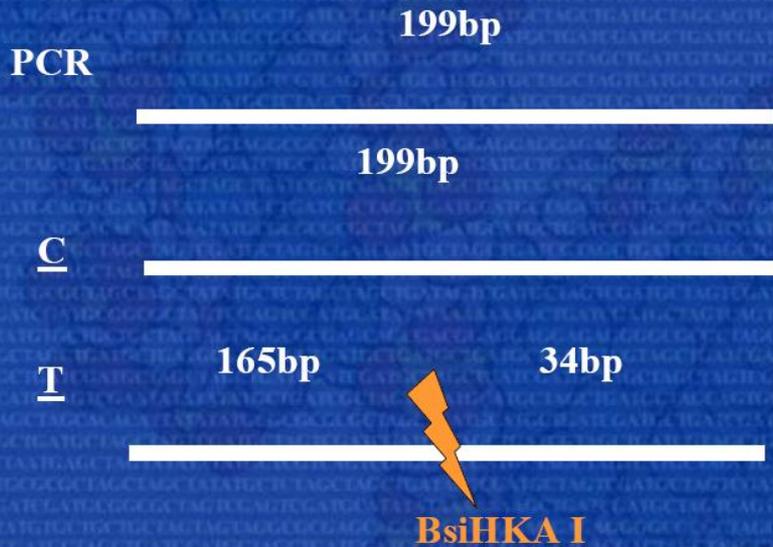
PCR



PLATAFORMAS DE ANÁLISIS DE BAJA DENSIDAD



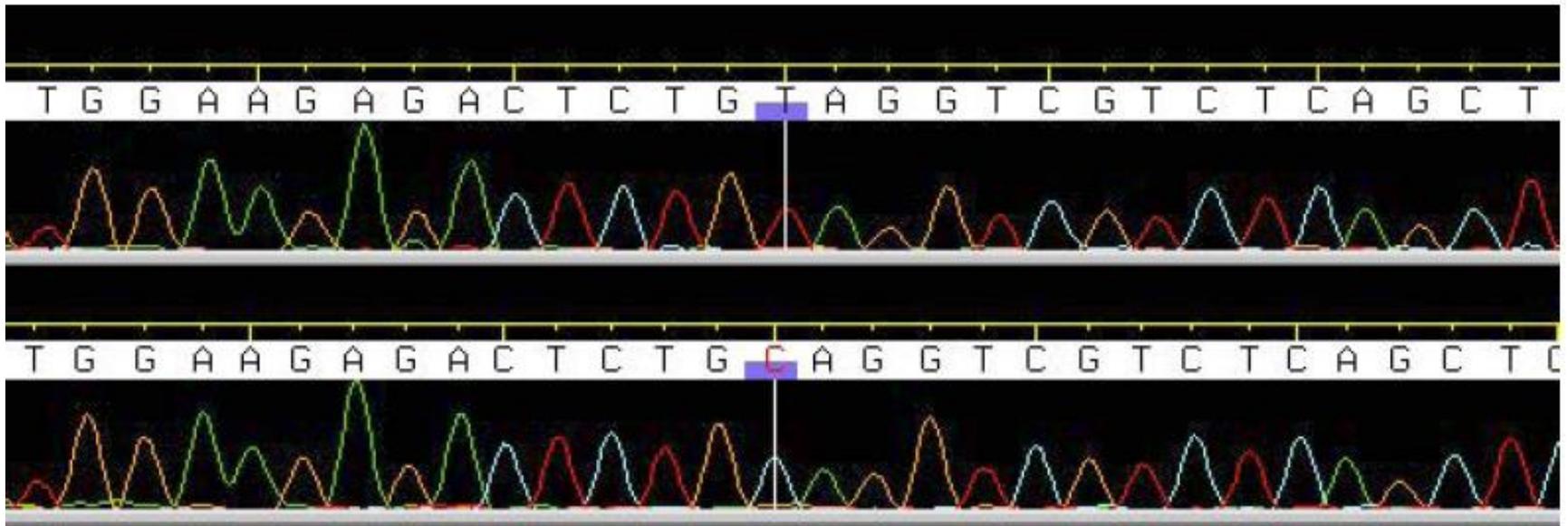
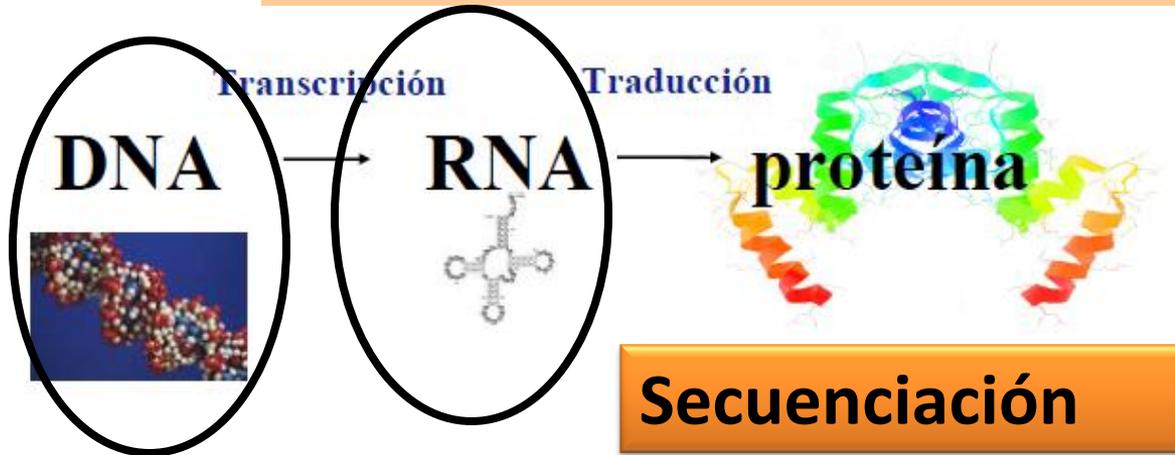
DETECCIÓN DEL SINDROME DE ESTRÉS PORCINO (PSS) PCR/RFLPs



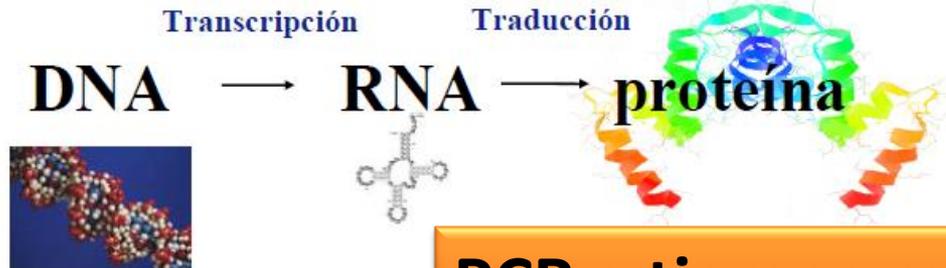
RFLPs (BsiHKA I) del GEN RYR1 Gel de agarosa al 3%



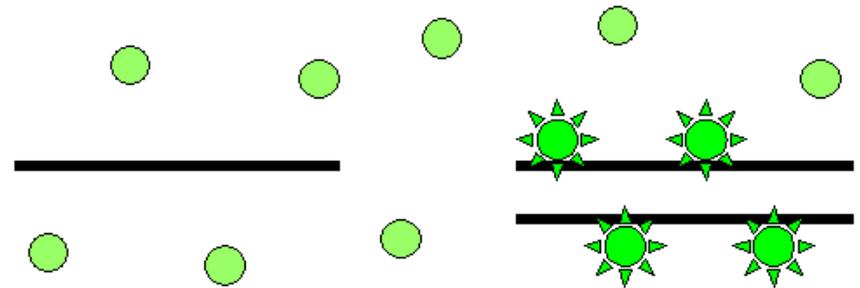
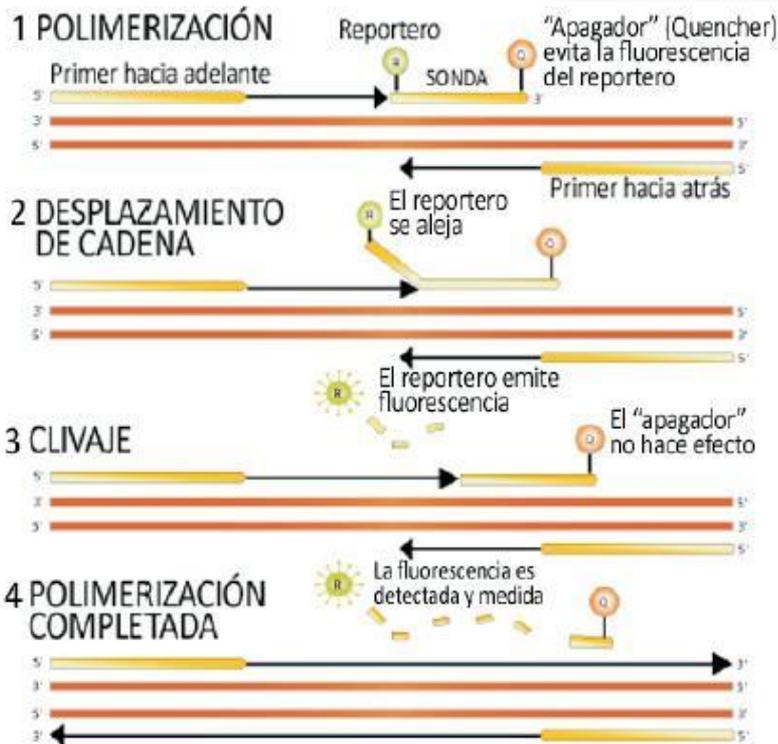
PLATAFORMAS DE ANÁLISIS DE BAJA DENSIDAD



PLATAFORMAS DE ANÁLISIS DE BAJA DENSIDAD

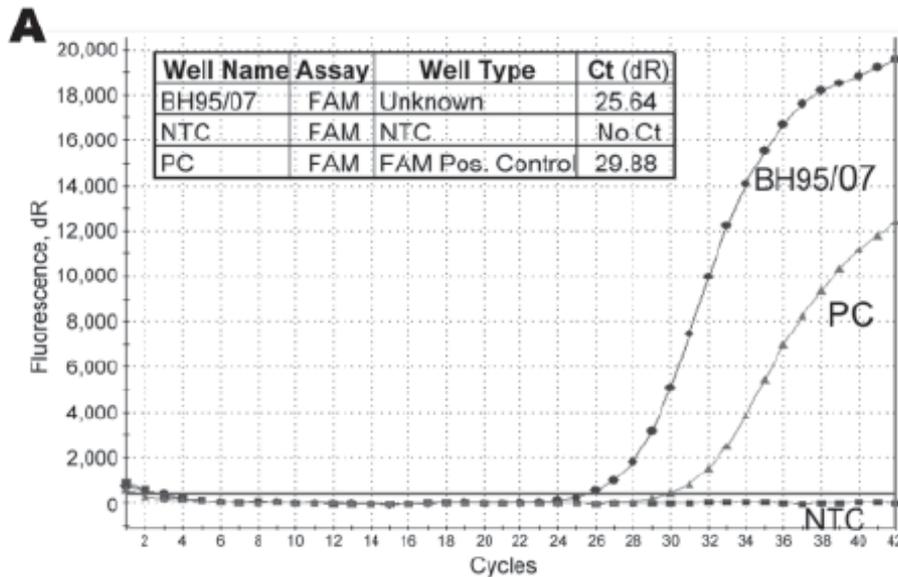
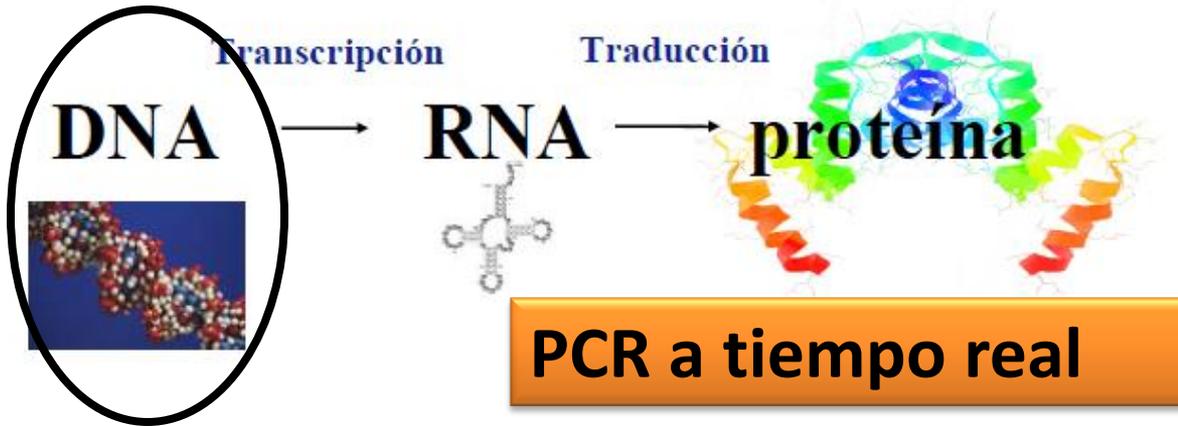


PCR a tiempo real



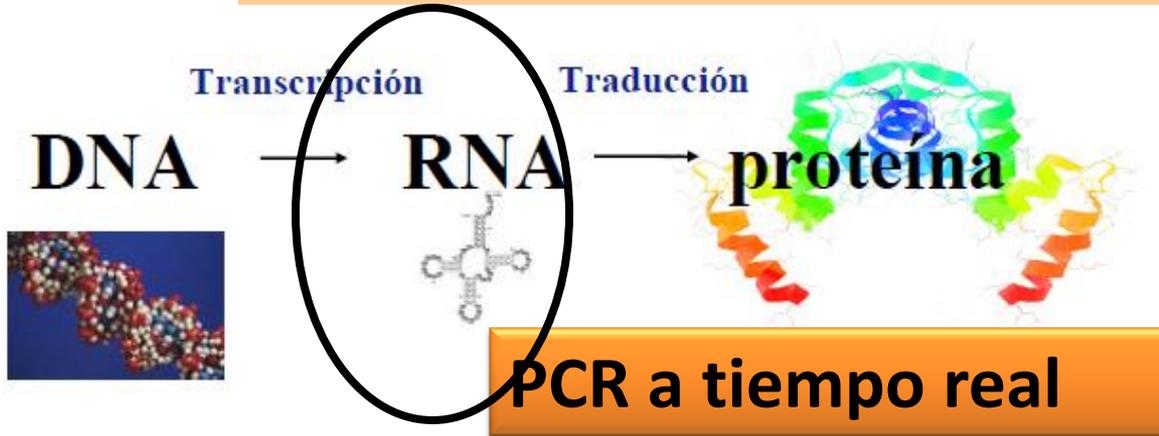
SYBER Green

PLATAFORMAS DE ANÁLISIS DE BAJA DENSIDAD

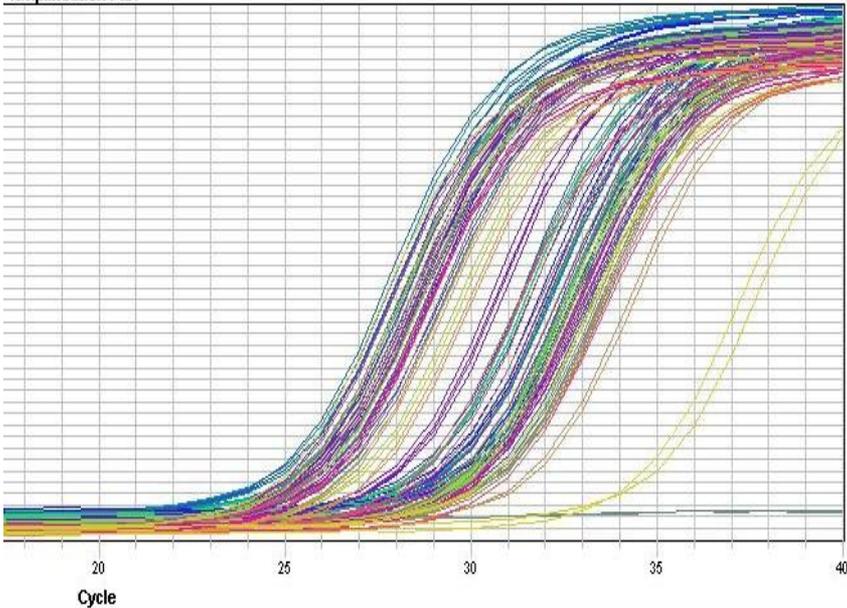


Detección del virus de la Legua azul

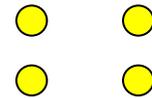
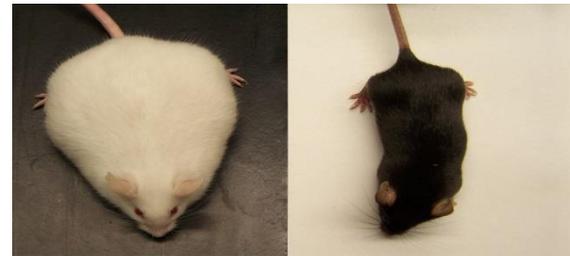
PLATAFORMAS DE ANÁLISIS DE BAJA DENSIDAD



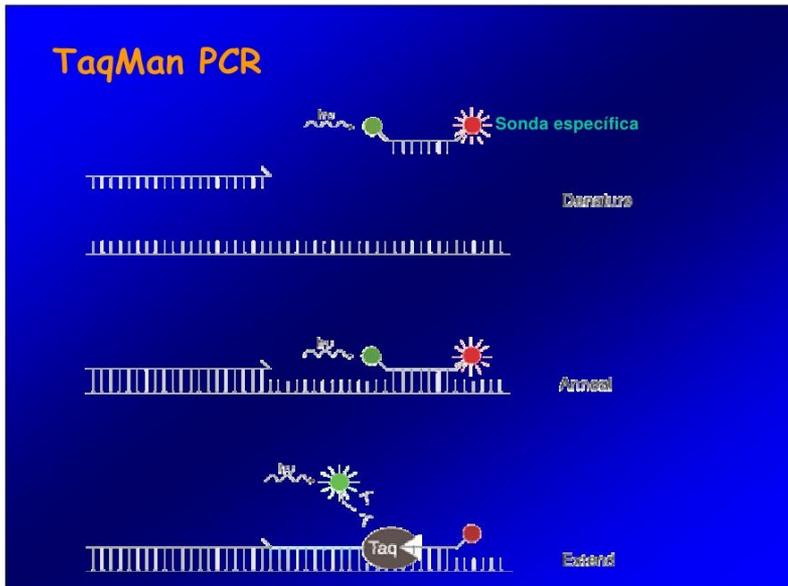
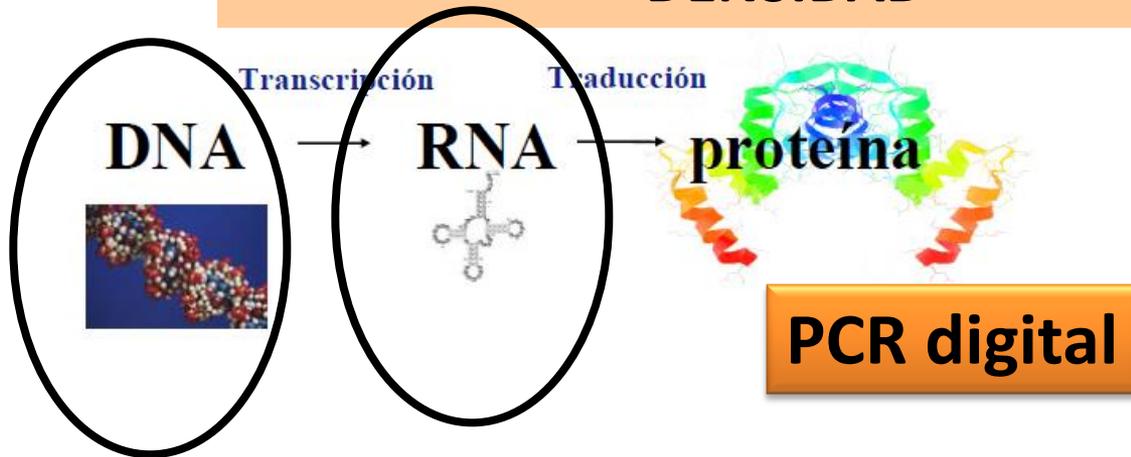
Amplification Plot



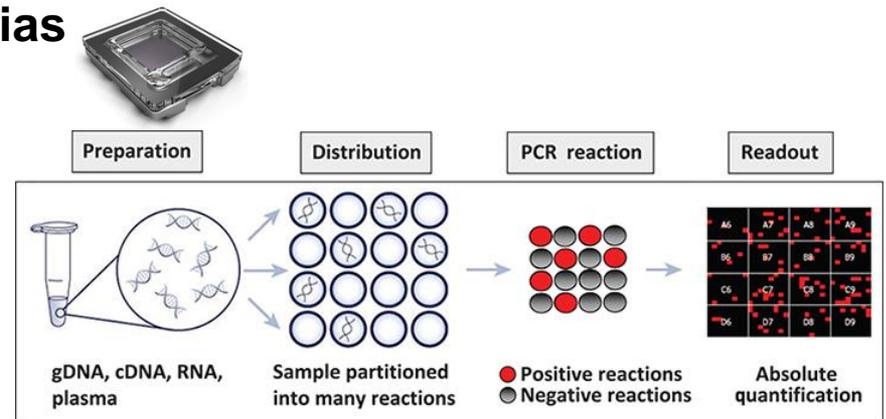
Gen candidato con dos fenotipos diferentes



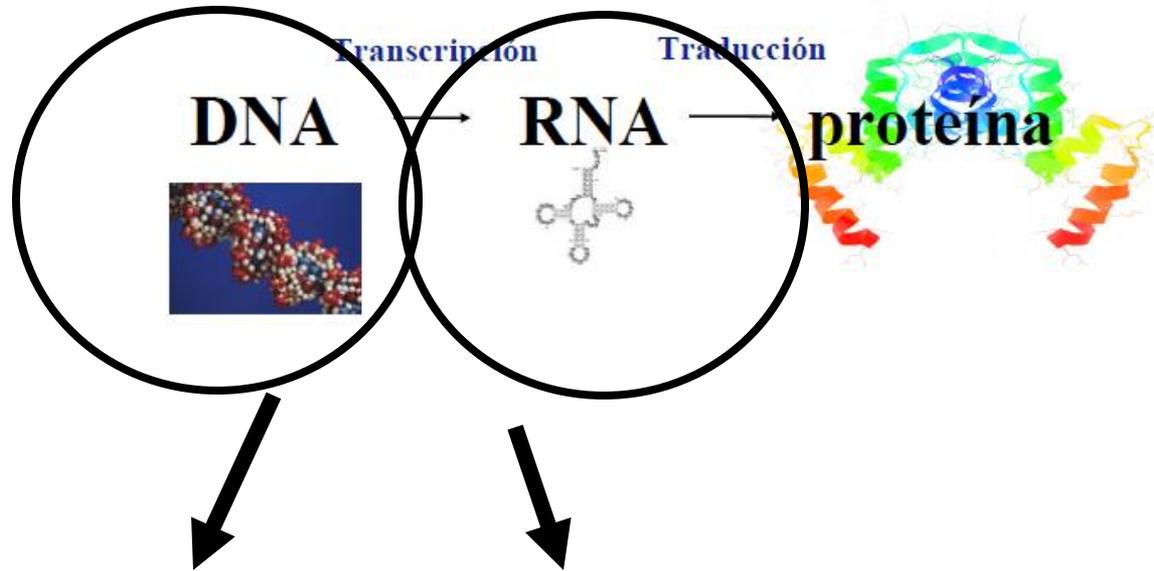
PLATAFORMAS DE ANÁLISIS DE BAJA DENSIDAD



Quantificación absoluta incluso con pocas copias



PLATAFORMAS DE ANÁLISIS MASIVOS DE ALTA DENSIDAD



Secuenciadores de segunda y tercera generación

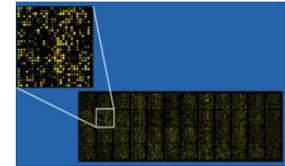


**Secuenciar un genoma de mamífero de 3000 millones de pares de bases:
70.000 € (2009) → 20.000 € (2011) → 4.000 € (2015)
→ 2.000 € (2017) a baja cobertura**

PLATAFORMAS DE ANÁLISIS MASIVOS DE ALTA DENSIDAD

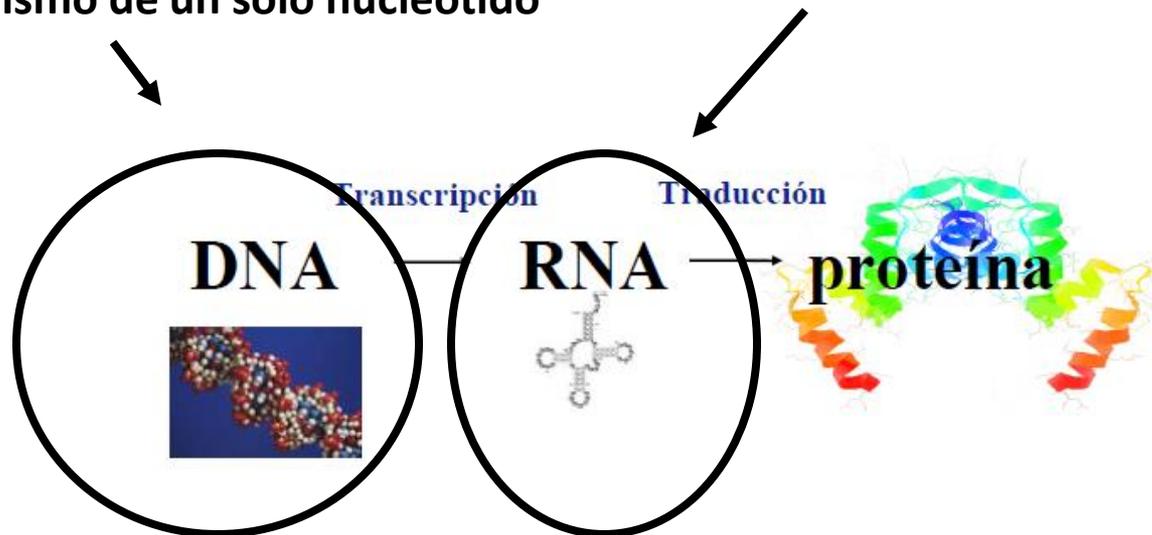
SNPs

Transcritos (transcriptoma)



SNP: polimorfismo de un solo nucleótido

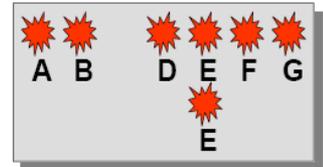
¿Qué genes se están expresando?
Expresión diferencial



cDNA sample 1



cDNA sample 2



Plataformas de análisis masivos

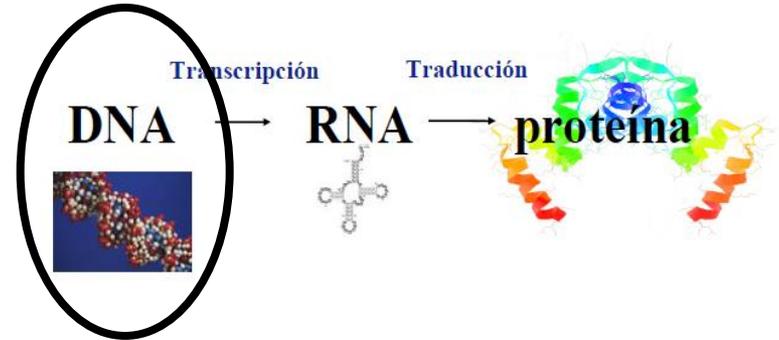
SNPs



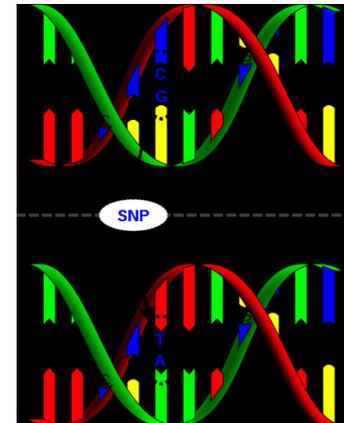
Infinium Assay



GeneChip Array



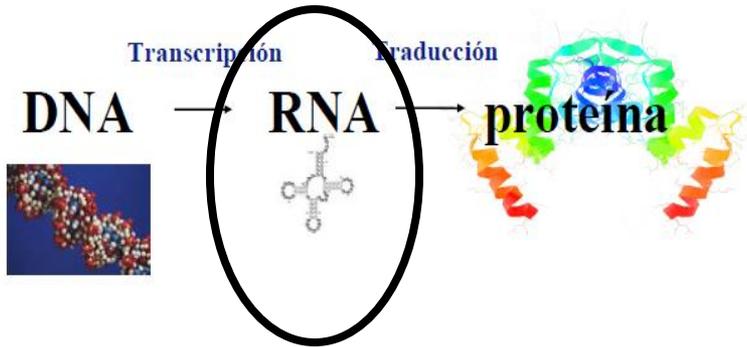
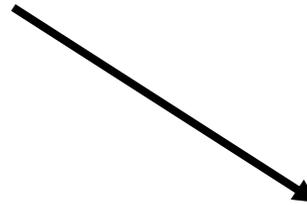
SNP: polimorfismo de un solo nucleótido



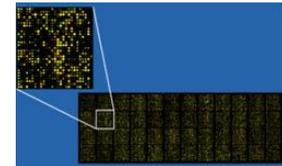
Ovine SNP50BeadChip (54.241 SNPs)

Ovine Agresearch Beadchip (700.000 SNPs)

Plataformas de análisis masivos



Transcritos



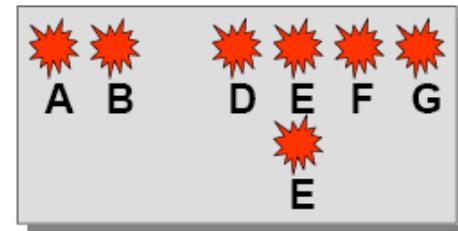
¿Qué genes se están expresando?
Expresión diferencial



cDNA sample 1



cDNA sample 2



Affymetrix® Ovine Gene 1.1 :

508.538 sondas que se corresponden con 22.059 genes

La revolución ómica en Ciencia animal

- **Secuenciación del genoma en especies domésticas: Vaca, oveja, cerdo, conejo, caballo, gato, perro...**
- **Secuenciación de genomas relacionados con Salud animal: Bacterias, virus, parásitos... → Diagnóstico de enfermedades infecciosas**
- **Actualmente, secuenciación de genomas de microorganismos relacionados con la fermentación ruminal.**
- **Paneles masivos de genotipado de SNPs**
- **Paneles masivos de análisis de transcritos**

Selección de animales mediante selección del mejor genoma, gen o grupo de genes para un carácter determinado

Genética/Genómica

- 1. Selección clásica***
- 2. Uso de marcadores genéticos clásicos en esquemas de selección***
- 3. Selección genómica***
- 4. MAS: Selección asistida por marcadores***
- 5. Sanidad***
- 6. Uso de herramientas genómicas en investigación orientada***

Genética/Genómica

1. Selección clásica

2. Uso de marcadores genéticos clásicos en esquemas de selección

3. Selección genómica

4. MAS: Selección asistida por marcadores

5. Sanidad

6. Uso de herramientas genómicas en investigación orientada

1. Selección clásica: Control de rendimientos

A- Prolificidad → Poligénica

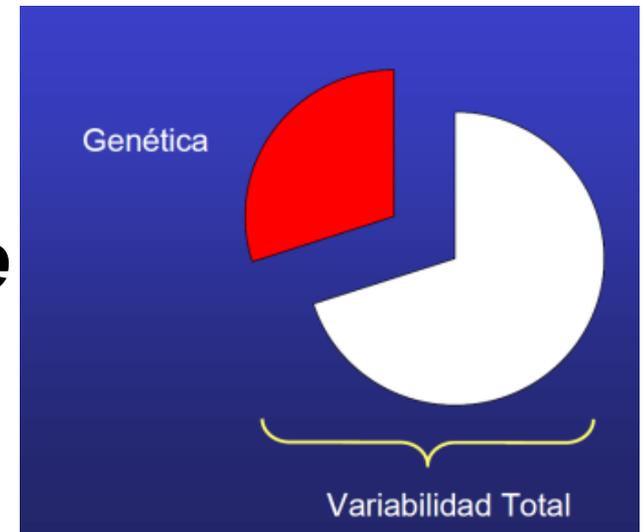
B- Capacidad maternal

C- Crecimientos

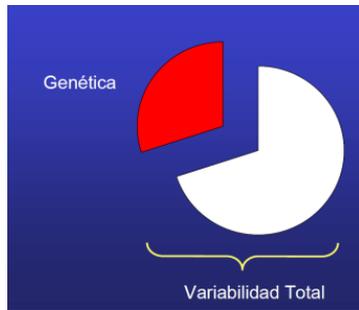
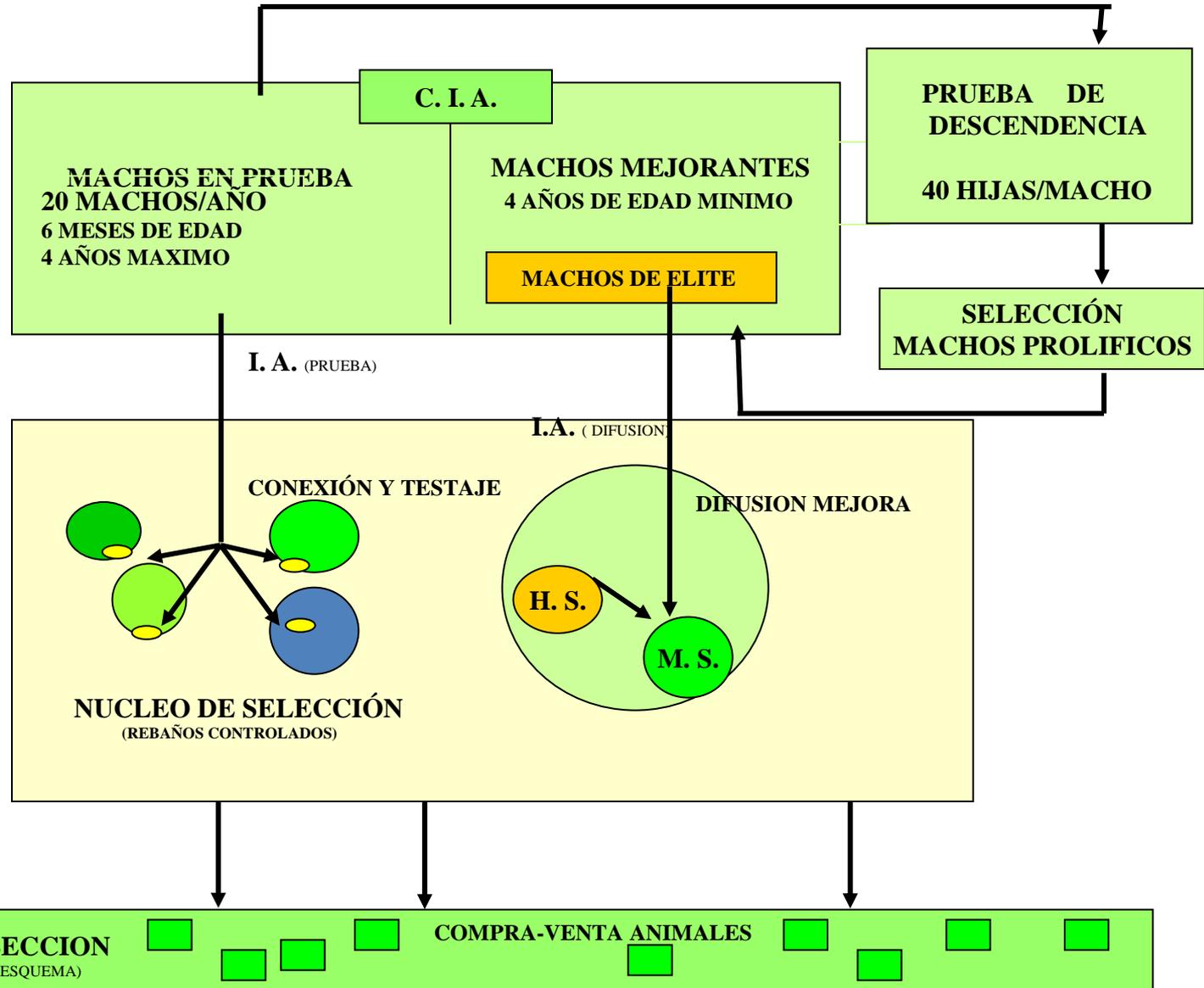
D- Calidad de carne

E- Producción de leche

...



1. Selección clásica: Control de rendimientos



1. Selección clásica: Control de rendimientos

CATÁLOGO DE SEMENTALES

(MACHOS VIVOS, ORDENADOS POR CROTAL)

FECHA DEL DOCUMENTO: 30/09/2015

NÚMERO	SEMENTAL	Año de nacimiento	Valor Genético directo (D)	Fiabilidad D (%)	Valor Genético materno (M)	Fiabilidad M (%)	Número de rebafios en los que el semental tiene hijas	Número de hijas	Número de partos con condoros con datos	Número de condoros con datos	Número de rebafios con condoros con datos	Peso medio de los condoros	PADRE	Valor genético del padre D	Fiabilidad D (%)	Valor genético del padre M	Fiabilidad M (%)	MADRE	Valor genético de la madre D	Fiabilidad D (%)	Valor genético de la madre M	Fiabilidad M (%)	Genotipo del gen (G, PrF)	Presencia del gen ROA
1	MACH0005347	2008	-1,489	0	-0,605	0	1	14	13	16	1	8,8	MACH0000200	-1,023	0	-0,012	0	Z2020011170	-1,165	0	0,129	0	ARRIARR	R
2	MACH0005348	2008	-0,481	0	-0,138	0	2	9	8	15	1	9,4					Z2020011029	-0,940	0	0,909	0	ARRIARR	R	
3	MACH0006126	2006	-0,984	0	-0,105	0	3	6	5	8	3	14,4	MACH0000005	-1,318	0	-0,512	0	Z1870921223	-0,670	0	0,201	0	ARRIARRQ	.
4	MACH0007150	2007	-1,094	0	-0,323	0	1	4	15	18	1	10,8	MACH0000005	-1,318	0	-0,512	0	Z1870921223	-0,670	0	0,201	0	ARRIARRQ	.
5	MACH0007174	2007	-0,987	0	0,566	0	1	6	9	10	1	11,3	MACH0004455	-0,505	0	0,097	0	H1140023099	-1,002	0	0,405	0	ARRIARRQ	R
6	MACH0009252	2009	-1,011	0	-0,184	0	1	4	7	10	1	9,7	MACH0000753	-1,446	0	-0,346	0	Z1510221309	-0,441	0	0,205	0	ARRIARRQ	.
7	MACH0029069	2005	-0,207	0	0,982	0	1	1	1	2	1	15,0	MACH0000564	-0,409	0	1,023	0	Z1870021202	-0,181	0	0,679	0	ARRIARRQ	.
8	MACH0006130	2007	0,068	0	-0,131	0	1	2	4	5	1	10,7					T9000207300	-0,098	0	0,090	0	ARRIARRQ	R	
9	MACH0007689	2008	-0,420	0	-0,140	0	1	7	11	13	1	9,9	MACH0000200	-1,023	0	-0,012	0	T9000000781	0,297	2	-0,075	9	ARRIARRQ	R
10	MACH0009352	2007	-0,879	0	0,230	0	1	2	4	7	1	10,3	MACH0000200	-1,023	0	-0,012	0	H3270023065	-0,804	0	0,367	0	ARRIARRQ	R
11	MACH0769763	2009	0,193	0	-0,126	0	1	1	0	0	0	0,0					Z2020055597	0,042	0	-0,089	0	ARRIARRQ	R	
12	MACH00095279	2009	-0,409	0	-1,285	0	1	11	11	16	1	9,0										ARRIARR	R	
13	MACH1316375	2010	-0,464	0	-0,067	0	1	1	0	0	0	0,0	MACH0001003	-1,182	0	-0,299	0						ARRIARRQ	R
14	MACH1316384	2010	-1,238	0	0,005	0	1	1	0	0	0	0,0	MACH0000005	-1,318	0	-0,512	0	T5240021697	-1,155	0	0,627	0	ARRIARRQ	.
15	MACH1738448	2012	0,237	0	-0,916	0	1	1	1	2	1	6,8										ARRIARR	R	
16	MACH1838806	2011	0,336	0	-0,748	0	1	4	4	4	1	10,6										ARRIARR	R	

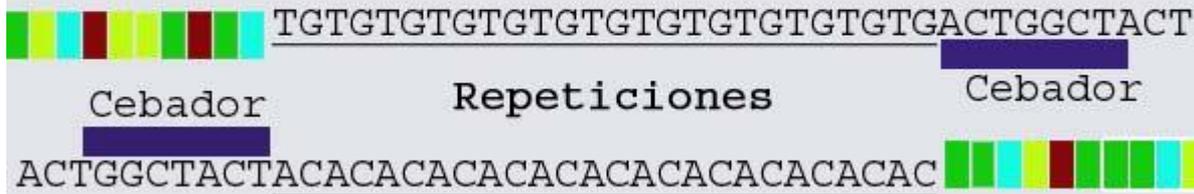
Genética/Genómica

- 1. Selección clásica*
- 2. Uso de marcadores genéticos clásicos en esquemas de selección...**
- 3. Selección genómica*
- 4. MAS: Selección asistida por marcadores*
- 5. Sanidad*
- 6. Uso de herramientas genómicas en investigación orientada*

Reconstrucción genealógica y filiación.

- **Reconstrucción genealógica:** Para la realización de las valoraciones genéticas es imprescindible la existencia de genealogías. En caso de que falten se pueden reconstruir mediante marcadores moleculares: microsatélites y SNPs.

Microsatélite



Polimorfismo de Base Única



Reconstrucción genealógica y filiación.

- Filiación o asignación de paternidad: Sistemas de explotación extensivos



Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.

- Mediante marcadores microsatélites, SNPs o polimorfismos del ADN mitocondrial y cromosoma Y, si no dispone de información genealógica.
- Si existe información genealógica la información es complementaria.
- Diseño de cruzamientos que minimicen el incremento de la consanguinidad.



- Conservación *in situ* y *ex situ*.

A screenshot of a software window titled "Individual Molecular Kinship". The window has a blue header bar. Below the header, there are two dropdown menus labeled "pop_1", the first set to "1" and the second to "10". Below these are navigation buttons: "<<" and ">>" for each dropdown. The main area of the window displays the following text:

Overall Molecular Coancestry Mean
- No weighted by PIC: 0,2226
- Weighted by PIC: 0,2121

Molecular Coancestry between selected individuals

0,276786

Molecular Coancestry (microsatellites weighted by PIC)

0,271897

At the bottom right, there is a "Back" button.

(Molkin, Gutierrez et al. 2005)

Individual Molecular Kinship

pop_1

pop_1

Overall Molecular Coancestry Mean

- No weighted by PIC: 0,2226

- Weighted by PIC: 0,2121

Molecular Coancestry between selected individuals

0,276786

Molecular Coancestry (microsatellites weighted by PIC)

0,271897

Back

Individual Molecular Kinship

pop_1

pop_1

Overall Molecular Coancestry Mean

- No weighted by PIC: 0,2226

- Weighted by PIC: 0,2121

Molecular Coancestry between selected individuals

0,304348

Molecular Coancestry (microsatellites weighted by PIC)

0,303486

Back

Individual Molecular Kinship

pop_1

pop_1

Overall Molecular Coancestry Mean

- No weighted by PIC: 0,2226

- Weighted by PIC: 0,2121

Molecular Coancestry between selected individuals

0,375000

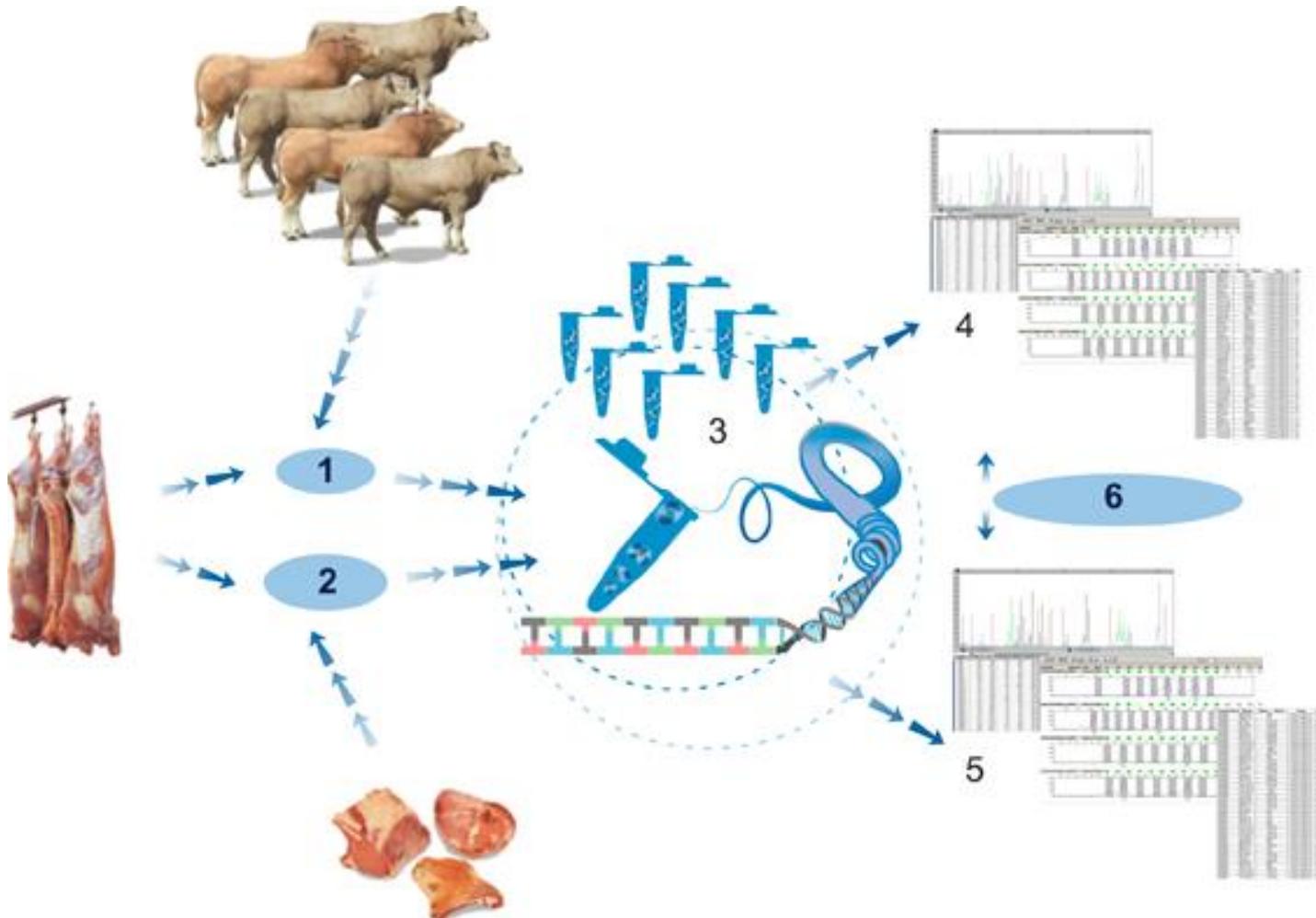
Molecular Coancestry (microsatellites weighted by PIC)

0,373774

Back

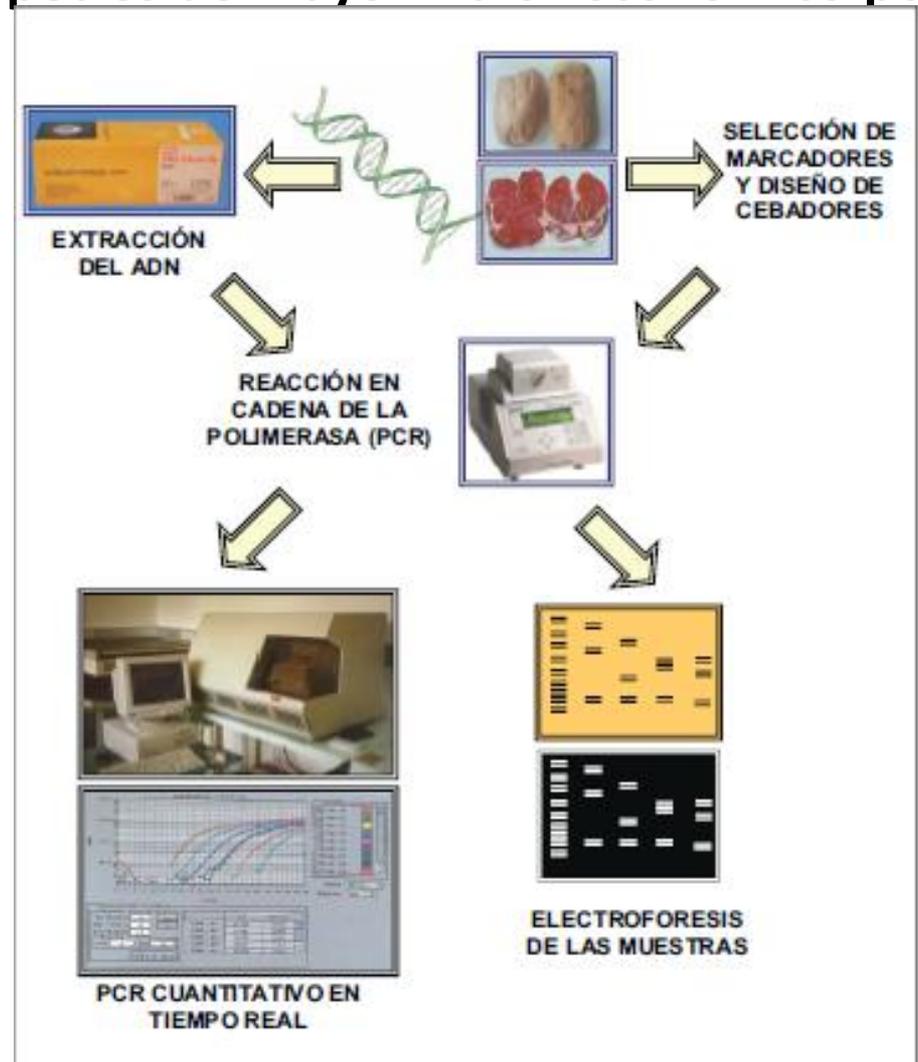
Trazabilidad.

Supone el uso de marcadores genéticos para establecer un sistema de control de origen geográfico y seguimiento de los animales, desde su nacimiento hasta su venta de sus partes en la carnicería.



Detección de fraudes alimenticios

Autenticación de alimentos para detectar la adulteración que supone la sustitución parcial o total de especies de mayor valor económico por especies más baratas

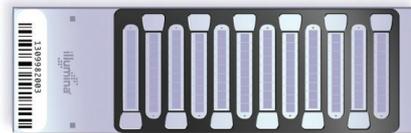


Genética/Genómica

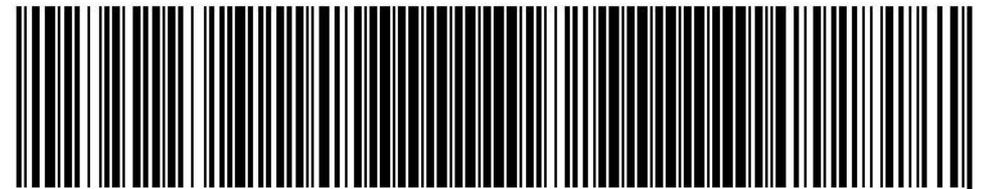
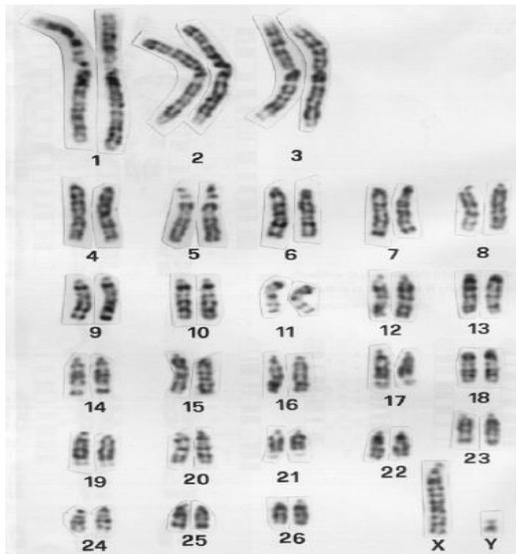
- 1. Selección clásica*
- 2. Uso de marcadores genéticos clásicos en esquemas de selección*
- 3. Selección genómica**
- 4. MAS: Selección asistida por marcadores*
- 5. Sanidad*
- 6. Uso de herramientas genómicas en investigación orientada*

3- Selección genómica

Paneles de SNPs



Ovine SNP50BeadChip (54.241 SNPs)



AGGCGCTTATAGCTAGGGTAAACACC.....

Selección genómica

Valor genético



CORRELACIONAR

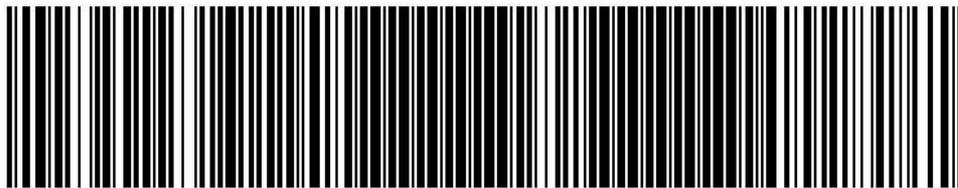
Valor genético molecular



Prueba de descendencia

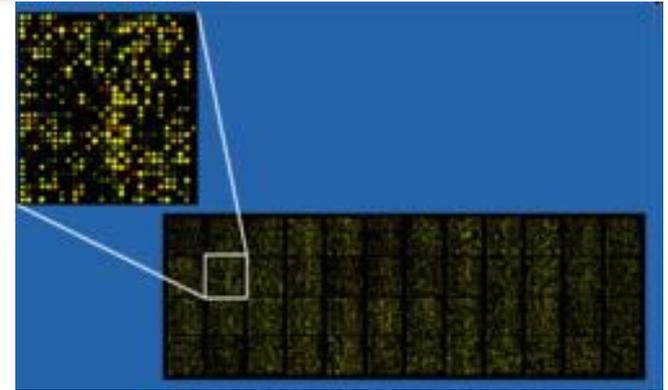


Microchips



AGGCGCTTATAGCTAGGGTAAACACC.....

Selección genómica



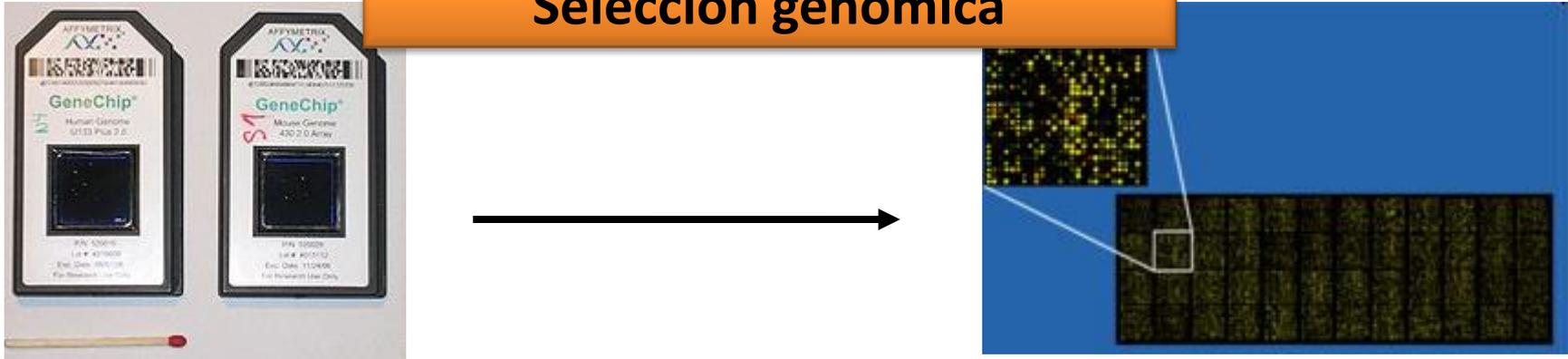
- Genotipado mediante microchips de ADN de una población de referencia con VG mediante pruebas de descendencia.

- Mayor fiabilidad a mayor número de animales en la población de referencia.



- Genotipado población problema al nacimiento: Establecimiento de un valor genético molecular (MBV)

Selección genómica



- Información complementaria a las pruebas de descendencia.
- Con la selección genómica se puede estimar el valor genético (valor genético molecular) de un individuo sin que el animal tenga hijos, ni siquiera datos propios.
- En bovino lechero: valor genético molecular (MBV) = la exactitud de la prueba por descendencia con 5 a 25 hijas (dependiendo del carácter)
- Muy útil en caracteres costoso de medir que se miden tardíamente en la vida del animal: caracteres de calidad de carne

Genética/Genómica

1. Selección clásica

2. Selección genómica

3. MAS: Selección asistida por marcadores

5. Sanidad

6. Uso de herramientas genómicas en

investigación orientada

Selección asistida por marcadores (MAS).

- Caracteres con heredabilidad baja.
- Fenotipo que sólo se mide en un sexo.
- Fenotipos de medición tardía.

Resistencia a enfermedades.

+

Fertilidad-reproducción.

Calidad de la carne.

Composición corporal.

Producción de leche , Crecimiento.-

Selección asistida por marcadores (MAS).

- Genes de las proteínas lácteas:

- Polimorfismos de la α 1 caseína se encuentran asociados a la fabricación y maduración del queso en caprino así como al flavour.



Asociación Nacional de Criadores de Caprino de Raza Murciano Granadina 2010

Nº de Identificación: **DP03465**

Fecha de nacimiento: **05/11/2003**

UBICACIÓN ACTUAL Centro de Inseminación Artificial Caprina de la Diputación de Granada Siglas: CSE Localidad: Albolote (Granada) Código: ES-04-01-C	GANADERÍA DE ORIGEN Diputación de Granada Siglas: DP Código Explotación: 003GR0026 Localidad: Albolote (Granada)
--	---

DOSIS SEMINALES CONGELADAS DISPONIBLES 509

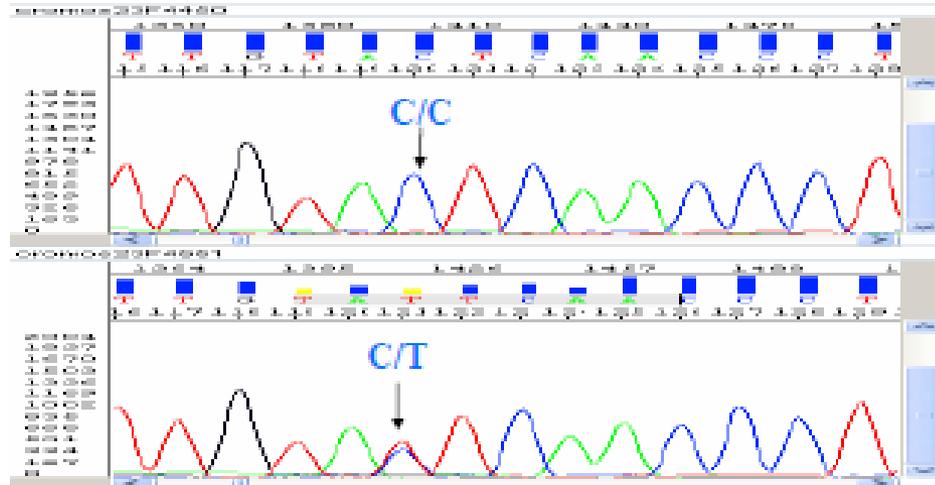
Genealogía

```
graph LR
    DP03465 --- Padre: JH01001
    DP03465 --- Madre: DP00050
    Padre: JH01001 --- Abuelo Paterno: JH99080
    Padre: JH01001 --- Abuela Paterna: JH98005
    Madre: DP00050 --- Abuelo Materno: DP96226
    Madre: DP00050 --- Abuela Paterna: DP96095
```

GENOTIPO CASEINA
ALFA-S1
B/E (alto/medio)
KAPA-CASEINA
A/A (medio/medio)

Selección asistida por marcadores (MAS).

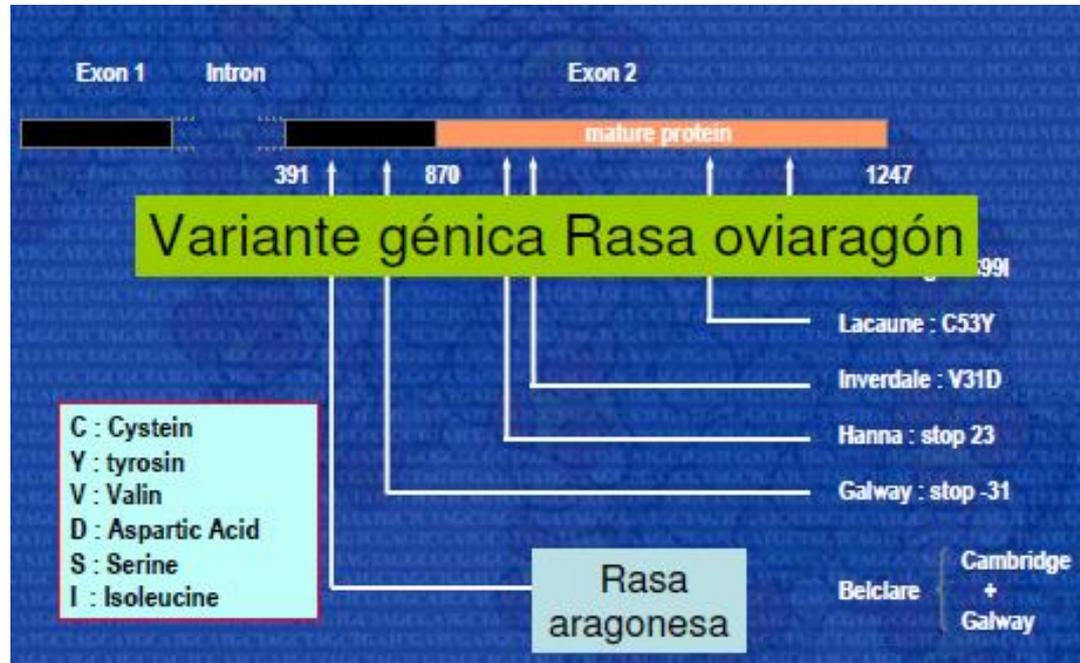
- Gen de la *Dgat1* asociado a la cantidad de grasa en bovino y en la raza ovina Sarda.



- Desde el año 2003, CONAFE incluye el genotipo del gen en el catálogo de sementales.
- Un efecto aditivo significativo de la variante alélica *lisina* tanto para la cantidad de leche producida (-312 kg), como para el contenido de grasa en la leche (+8 kg) (TUPAC-YUPANQUI et al., 2004).

Selección asistida por marcadores (MAS).

- Genes relacionados con la tasa de ovulación: *FecXR*



- Incremento de 0.32 corderos por parto en Rasa aragonesa.

Selección asistida por marcadores (MAS).

- Genes relacionados con resistencia a enfermedades: gen de resistencia al scrapie, genes de resistencia / susceptibilidad nemátodos gastrointestinales.

GENOTIPO PRNP	GRUPO DE RIESGO	ESTATUS <i>SCRAPIE</i>
ARR/ARR	R1	Ovinos genéticamente más resistentes a <i>scrapie</i>
ARR/AHQ	R3	Ovinos genéticamente resistentes a <i>scrapie</i> pero que deben ser manejados con cautela en programas de mejora genética
ARR/ARH	R3	
ARR/ARQ	R2	
AHQ/AHQ	R2	
AHQ/ARH	R4	Ovinos con escasa resistencia genética a <i>scrapie</i>
AHQ/ARQ	R4	
ARH/ARH	R3	
ARH/ARQ	R3	
ARQ/ARQ	R4(R5)	
ARR/VRQ	R4	Ovinos genéticamente susceptibles a <i>scrapie</i>
AHQ/VRQ	R5	Ovinos con elevada susceptibilidad genética a <i>scrapie</i>
ARH/VRQ	R5	
ARQ/VRQ	R4	
VRQ/VRQ	R5	

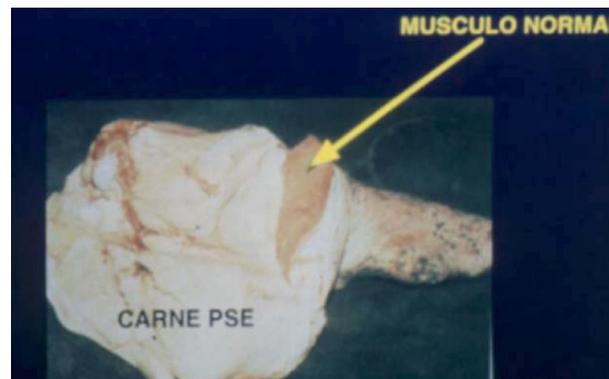


Selección asistida por marcadores (MAS).

- Genes de hipertrofia muscular en ovino: callipyge y miostatina.



- Síndrome de estrés porcino



Selección asistida por marcadores (MAS).

- **Genes relacionados con enfermedades hereditarias: condrodisplasia hereditaria ovina:** Mutación Val/Glu700 en el un dominio tirosinquinasa del fibroblast growth factor receptor 3 (FGFR3).



Genética/Genómica

- 1. Selección clásica*
- 2. Uso de marcadores genéticos clásicos en esquemas de selección*
- 3. Selección genómica*
- 4. MAS: Selección asistida por marcadores*
- 5. Sanidad**
- 6. Uso de herramientas genómicas en investigación orientada*

Diagnóstico de enfermedades infecciosas.

International Journal of Poultry Science 4 (8): 557-559, 2005
ISSN 1682-8356
© Asian Network for Scientific Information, 2005

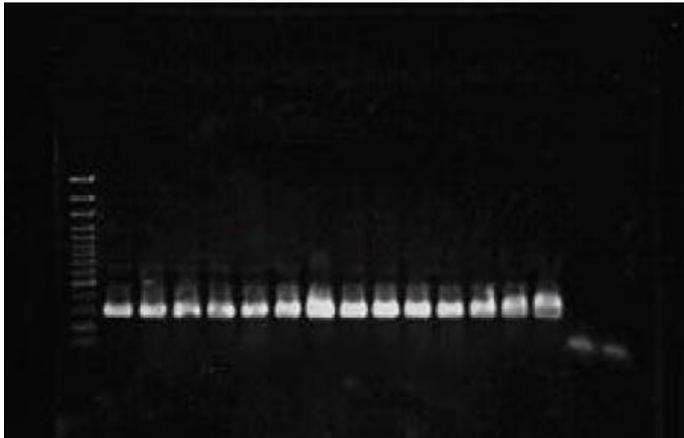
Detection of *InvA* Gene in Isolated *Salmonella* from Broilers by PCR Method

T. Zahraei Salehi¹, M. Mahzounieh² and A. Saeedzadeh³

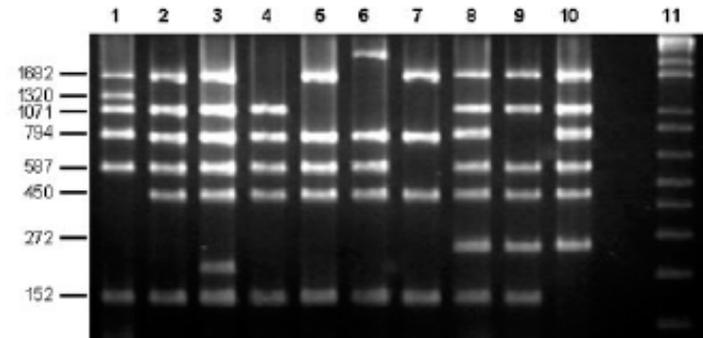
¹Department of Microbiology and Immunology, Faculty of Veterinary Medicine,
Tehran University, P.O. Box: 14155-6453, Tehran, Iran,

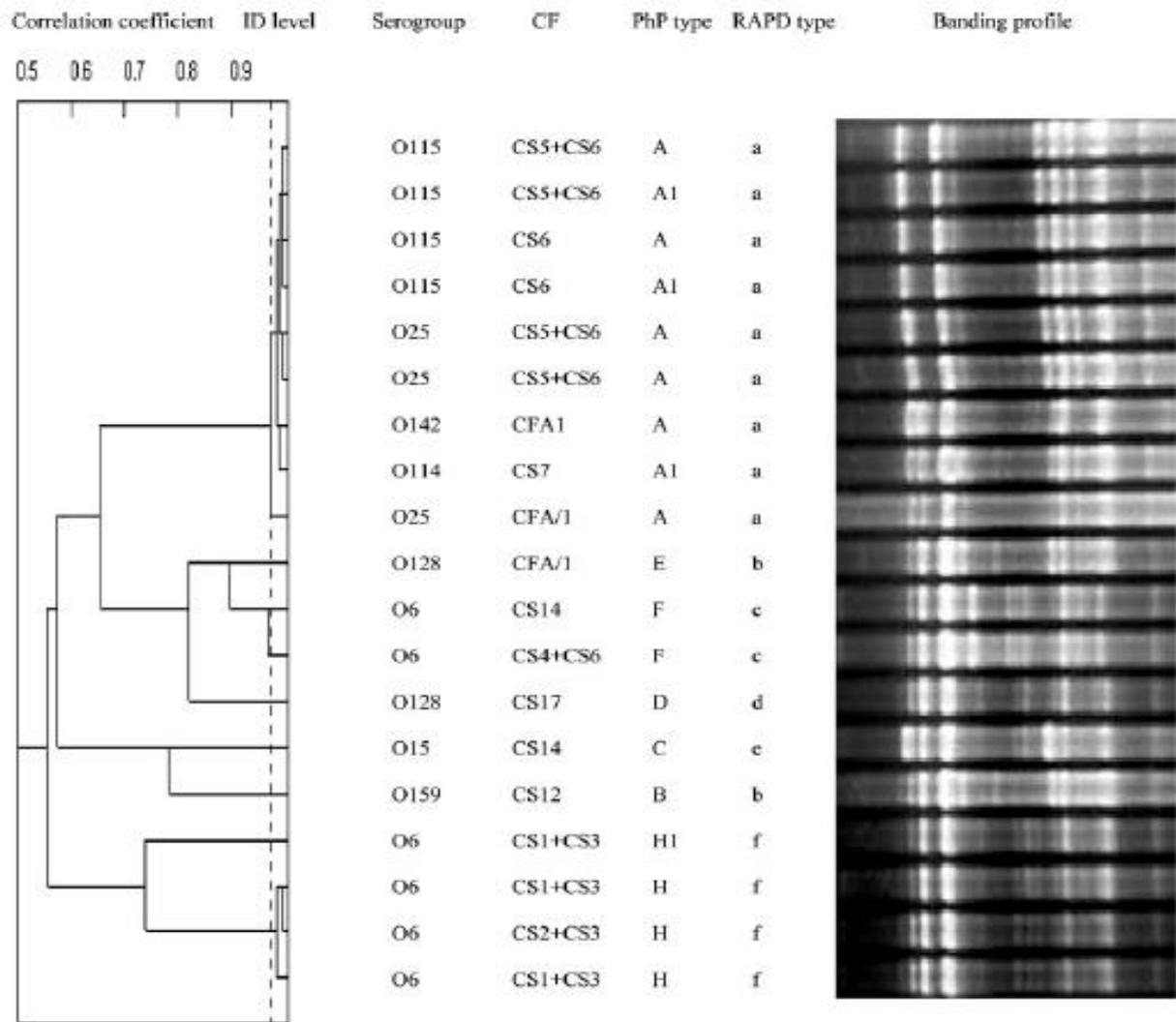
²Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Sharekord University, Iran

³Faculty of Science, Islamic Azad University of Jahrom



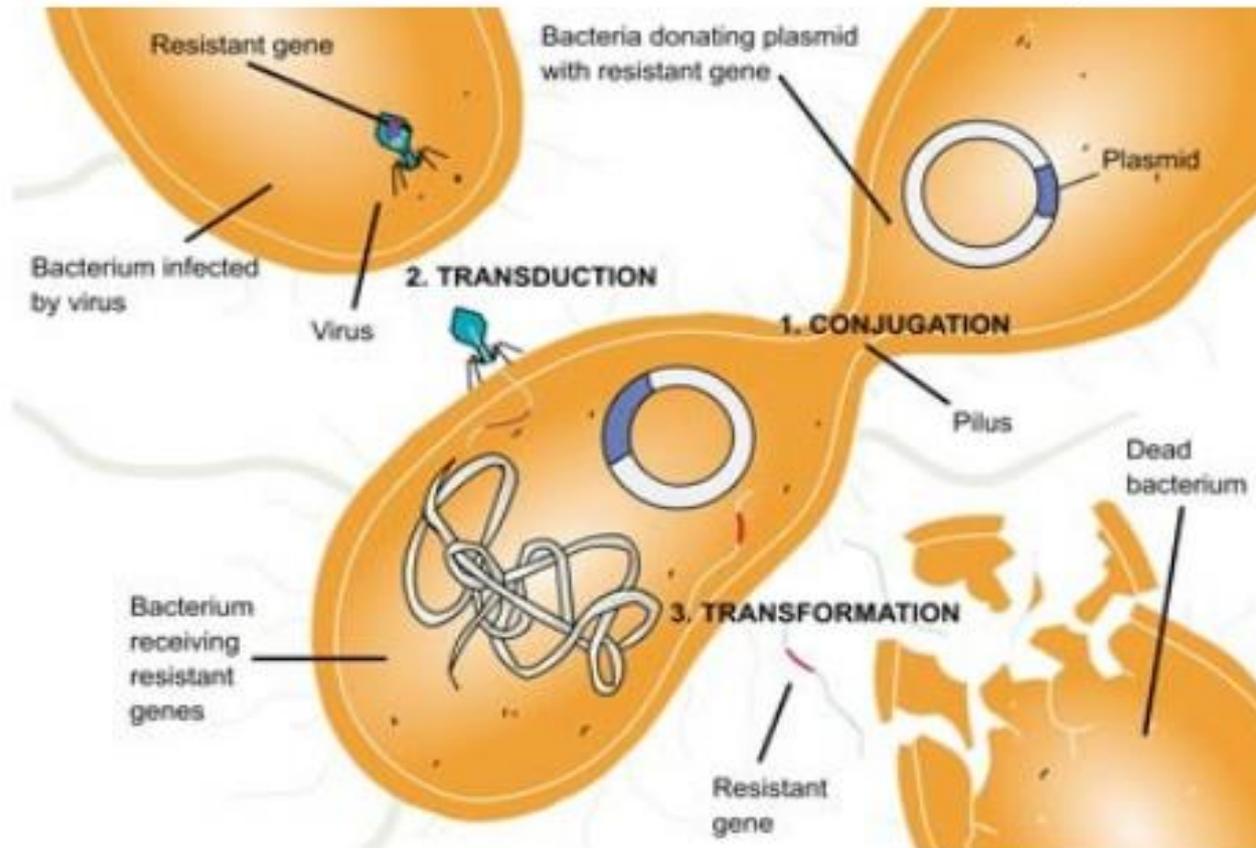
Multiplex PCR Assay for the Identification and Differentiation of all *Brucella* Species and the Vaccine Strains *Brucella abortus* S19 and RB51 and *Brucella melitensis* Rev1





Dendrograma y perfil RAPD de muestras de E. Coli

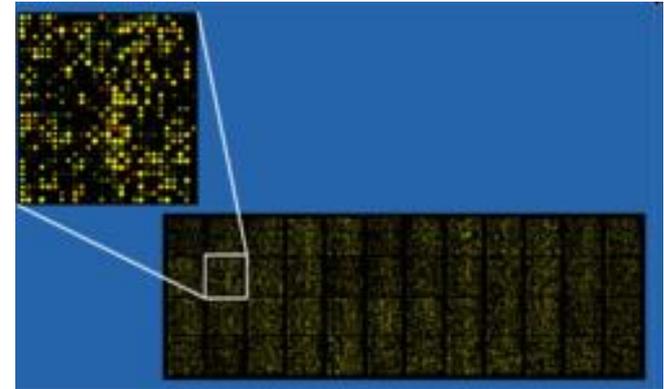
Genes de resistencia: Cómo se adquieren?



Genética/Genómica

- 1. Selección clásica*
- 2. Uso de marcadores genéticos clásicos en esquemas de selección*
- 3. Selección genómica*
- 4. MAS: Selección asistida por marcadores*
- 5. Sanidad*
- 6. Uso de herramientas genómicas en investigación orientada**

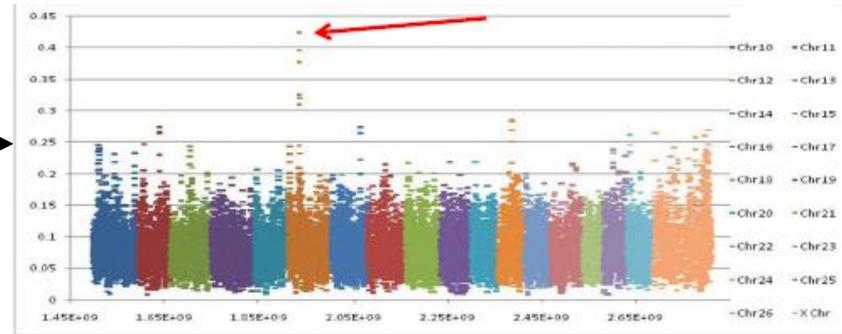
Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).



- Detección de regiones genómicas, de grupos de genes o genes individuales responsables de parte de la variabilidad de un carácter determinado.



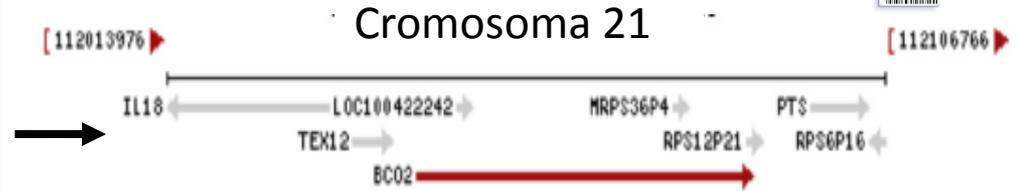
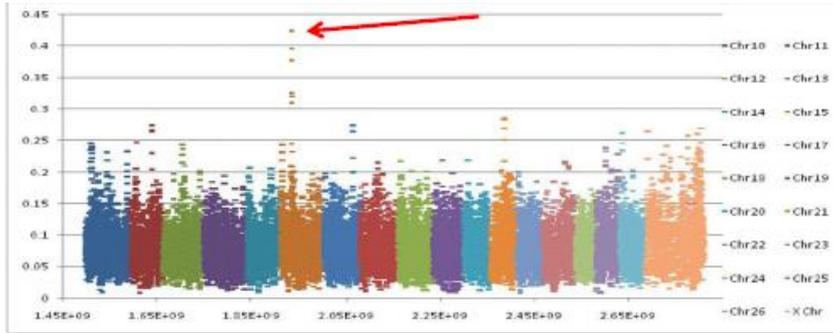
Comparando 30 animales afectados vs. 30 control



Grasa amarilla en la raza Perendale

Mutación parcialmente recesiva en el cromosoma 21

Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).

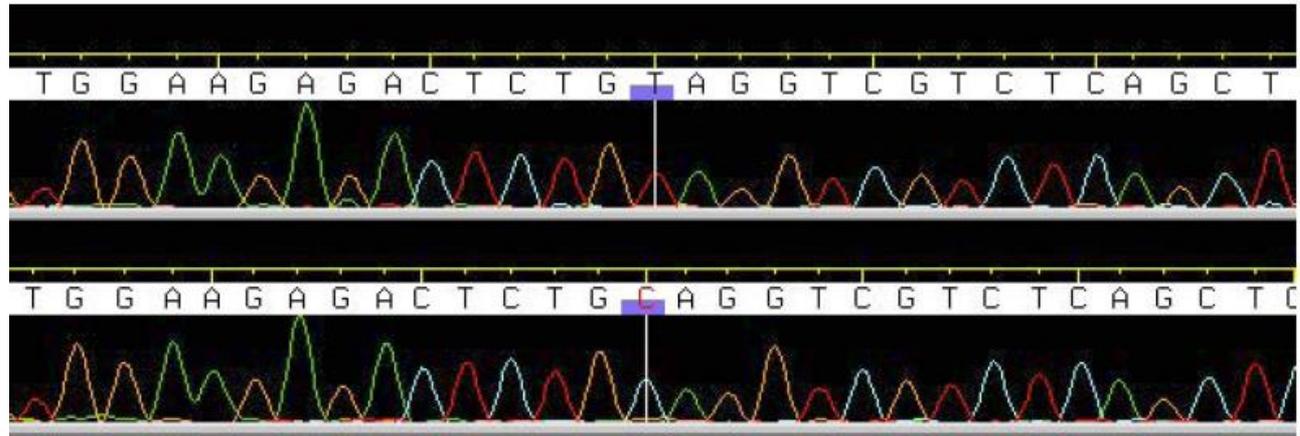


β caroteno oxigenasa 2 (*BCO2*)



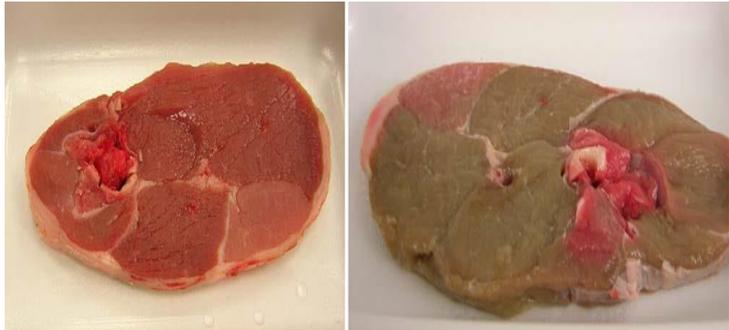
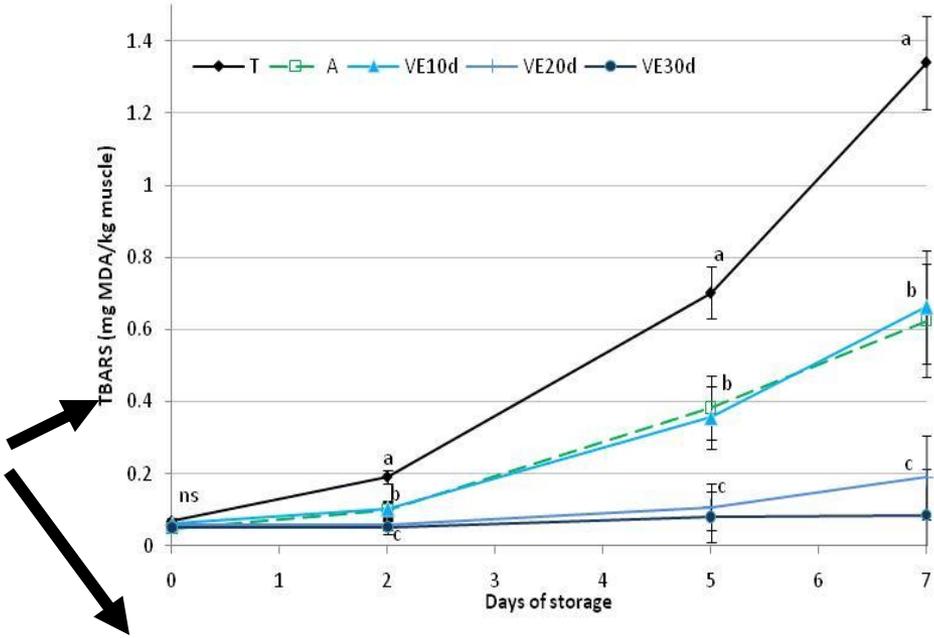
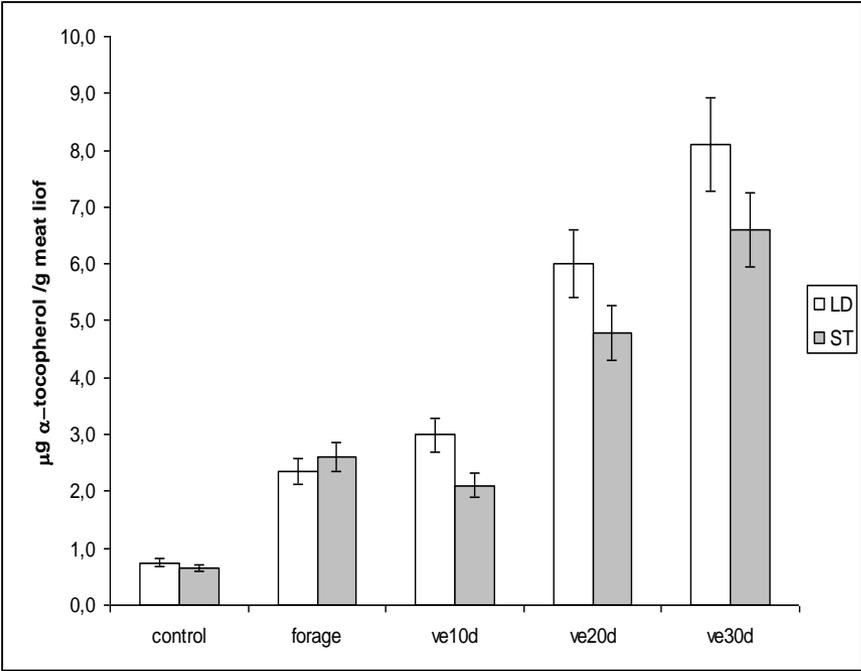
C

T



Estudios del transcriptoma

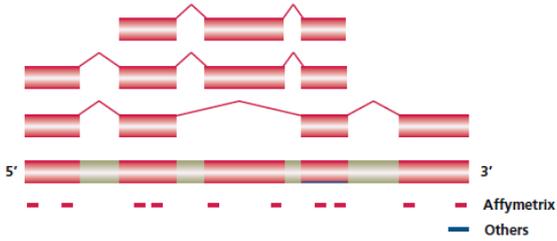
Efecto de la dieta en el contenido de vitE.



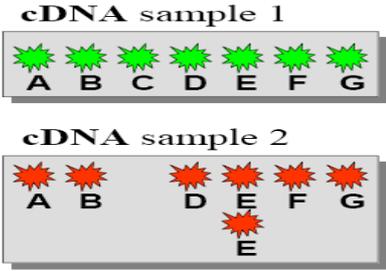
Estudios del transcriptoma

Efecto de la dieta en el contenido de vitE.

Chips y RNAseq

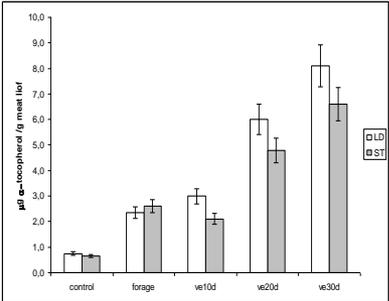
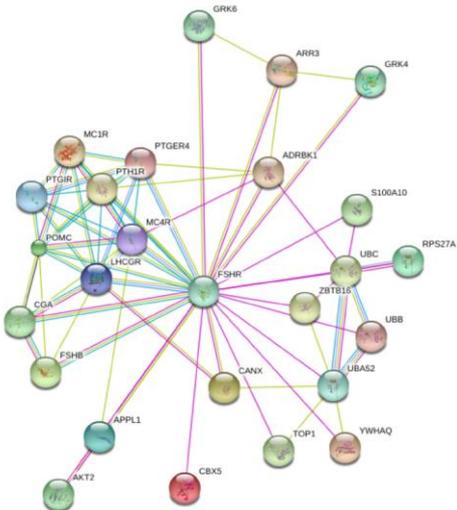


508.538 sondas 22.059 genes
(23 sondas/gen)



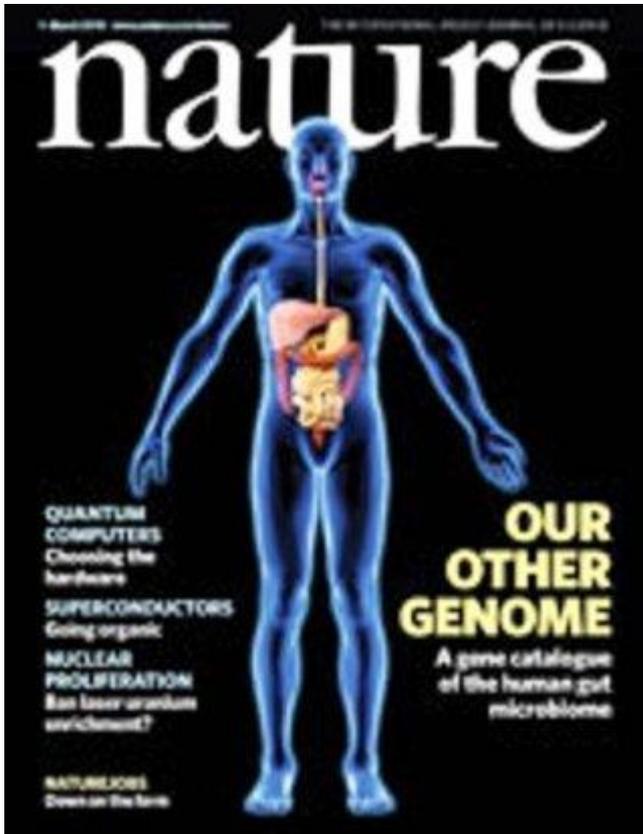
Análisis genómicos mediante microchips de expresión...

Detección de genes clave:
Calidad nutricional diferenciada.
Características tecnológicas diferenciada.

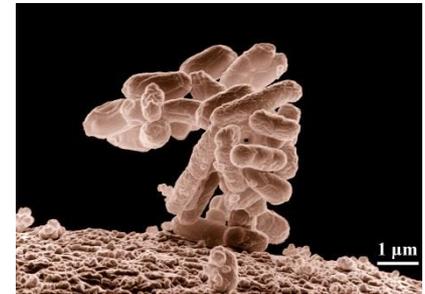


Microbioma

Conjunto de microorganismos que se localizan de manera normal en distintos sitios de los cuerpos de los seres vivos pluricelulares,



Diferente microbiota

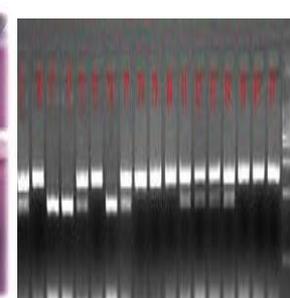


Diferente calidad:
- Perfil de ácidos grasos...

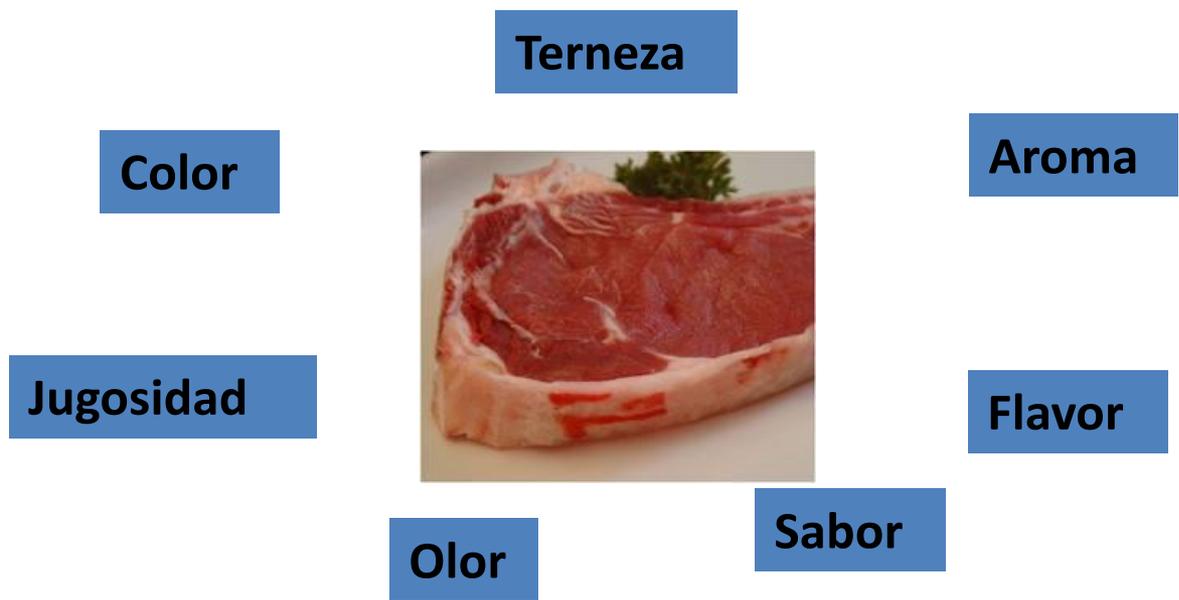
¿¿¿¿Probióticos y prebióticos????



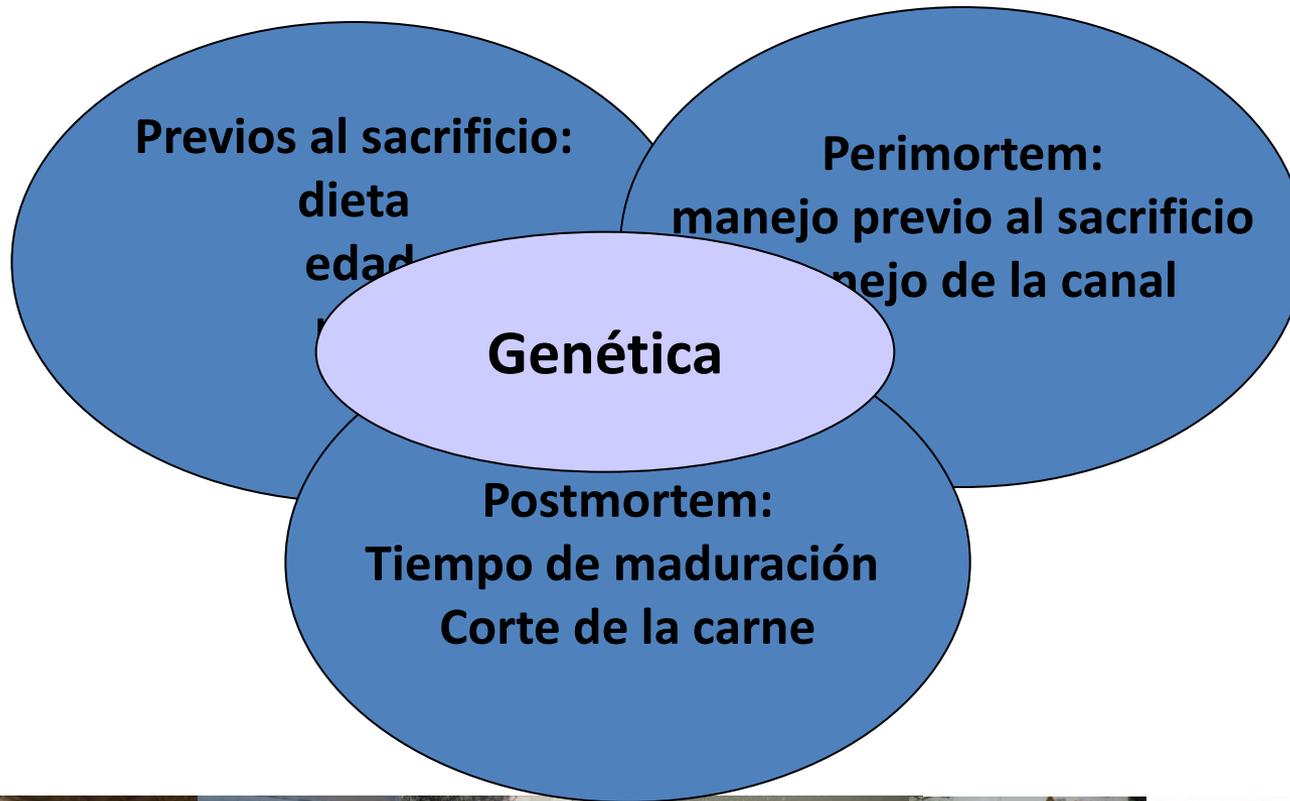
Predicción de la terneza de la carne de bovino mediante una nueva variante génica



- **Consumidores buscan carne de**
 - **calidad elevada**
 - **propiedades constantes**
 - **garantías**



La **terneza** es la cualidad de la carne de dejarse cortar y masticar (con mayor o menor facilidad) antes de la deglución, estando directamente ligada a la resistencia mecánica del producto consumible.



Banco de ADN y tejidos del CITA :

- Procedente de proyectos INIA/Gobierno de Aragón

- Formada por 196 animales

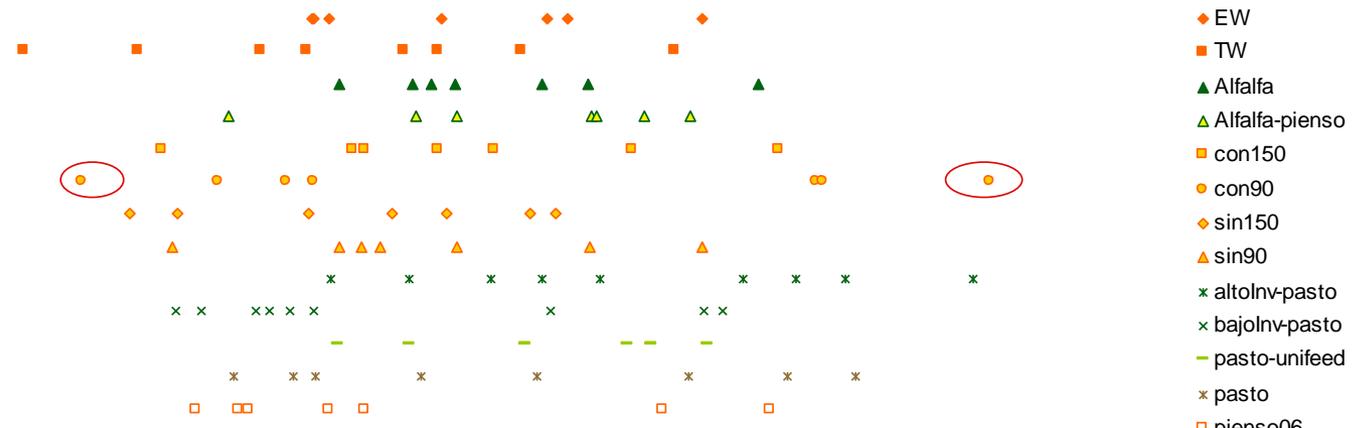
-144 de raza Parda de Montaña

- 52 de raza Pirenaica

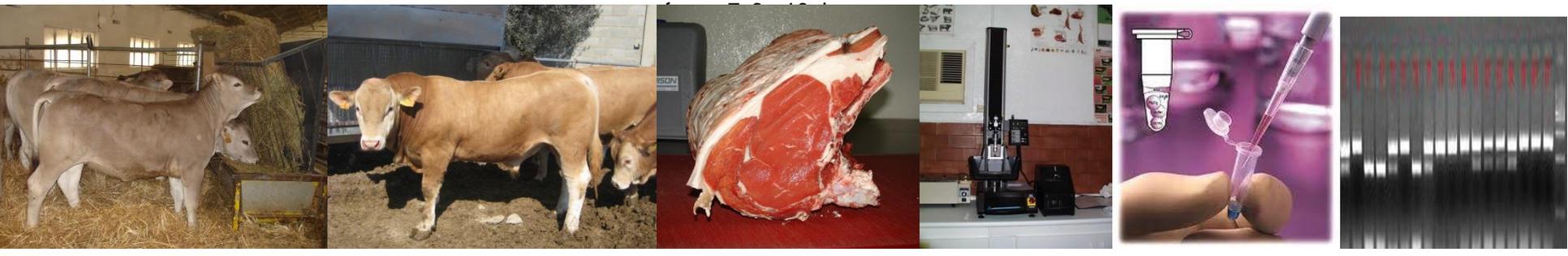
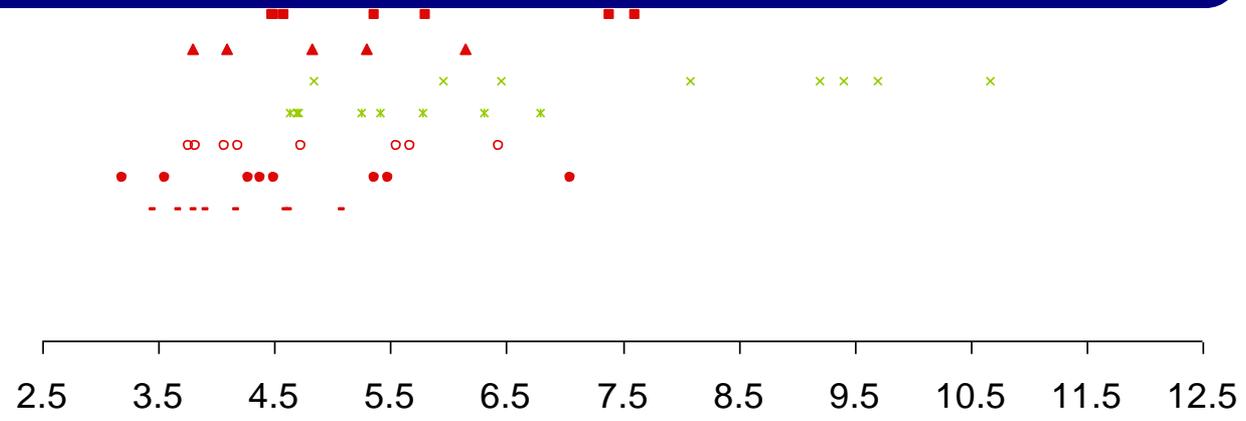
-Textura: método Warner-Bratzler

- ADN de suero o carne





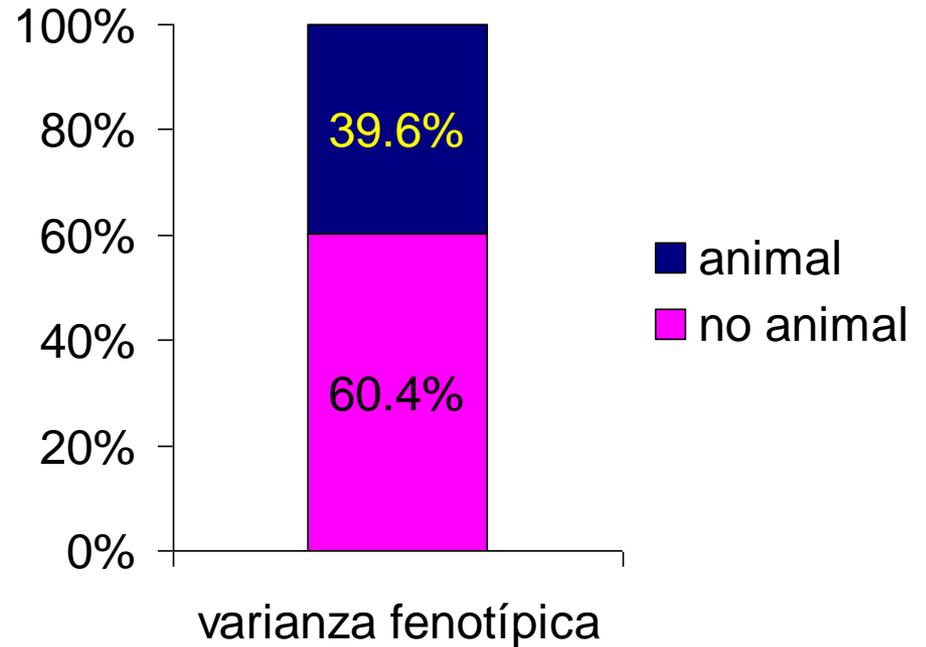
Gran variabilidad en los datos



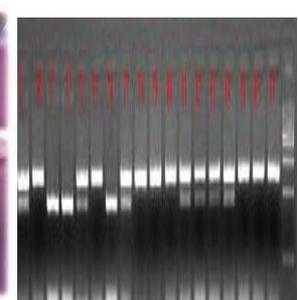
Modelo estadísticos:

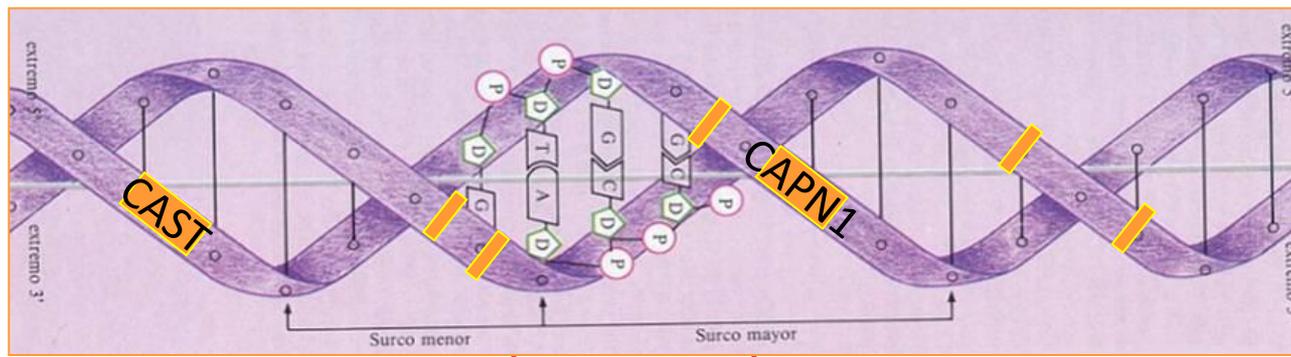
- Peso al sacrificio
- Edad al sacrificio
- dieta
- sexo
- raza

Estimador de la dureza
para cada animal



¿diferencias genéticas?





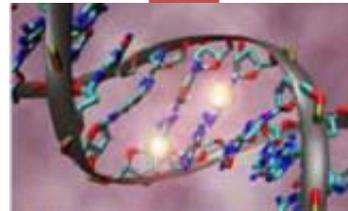
CAPN1

Terneza

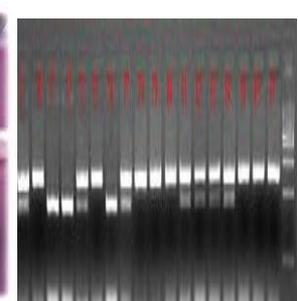
CAST

Proteolisis postmortem

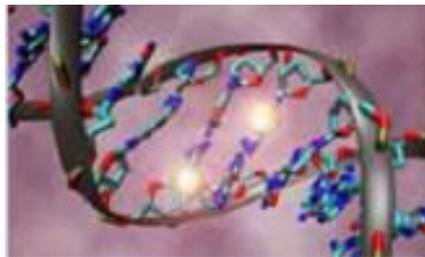
Inhibe la *CAPN1*



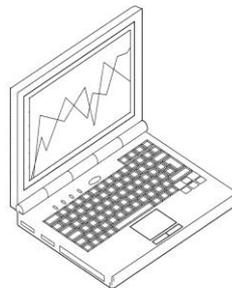
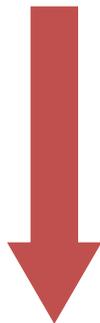
Animales extremos para el estimador de la dureza



CAPN1

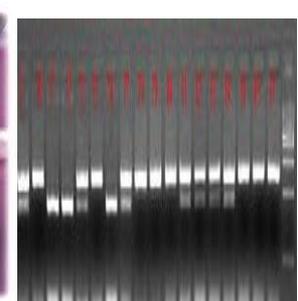


CAST

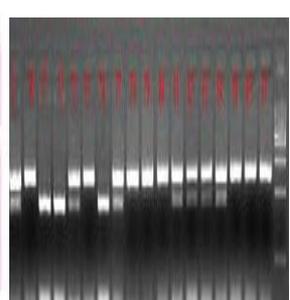
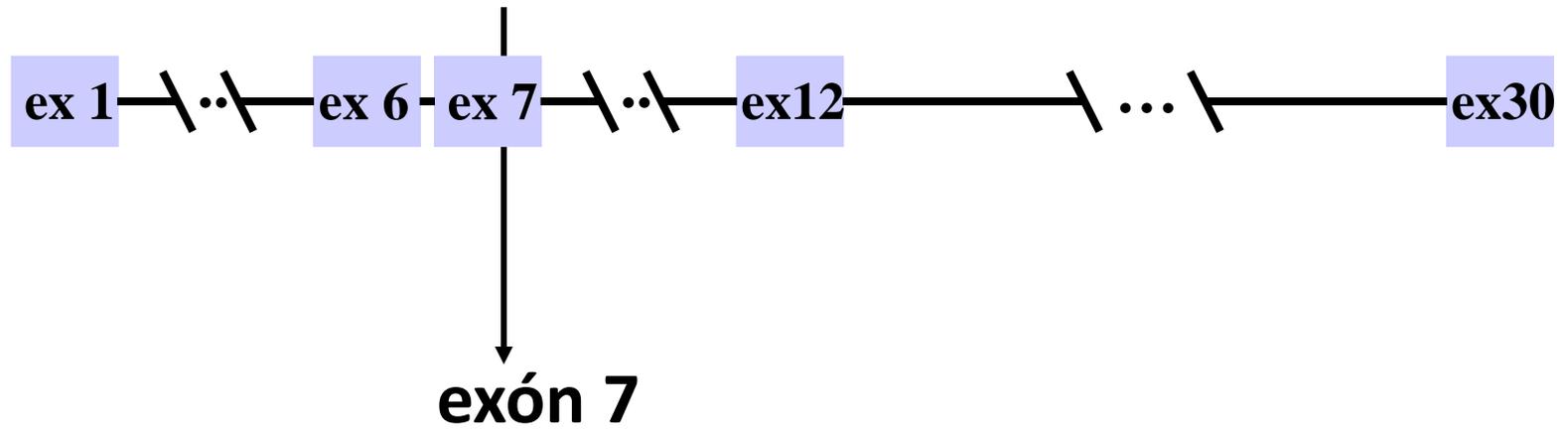
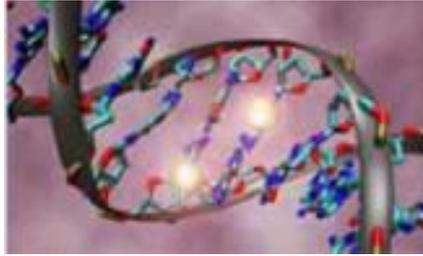


Sin efecto sobre la terneza

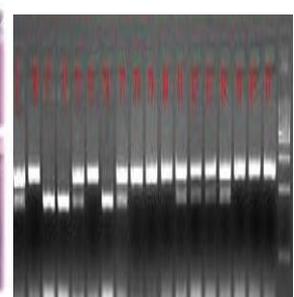
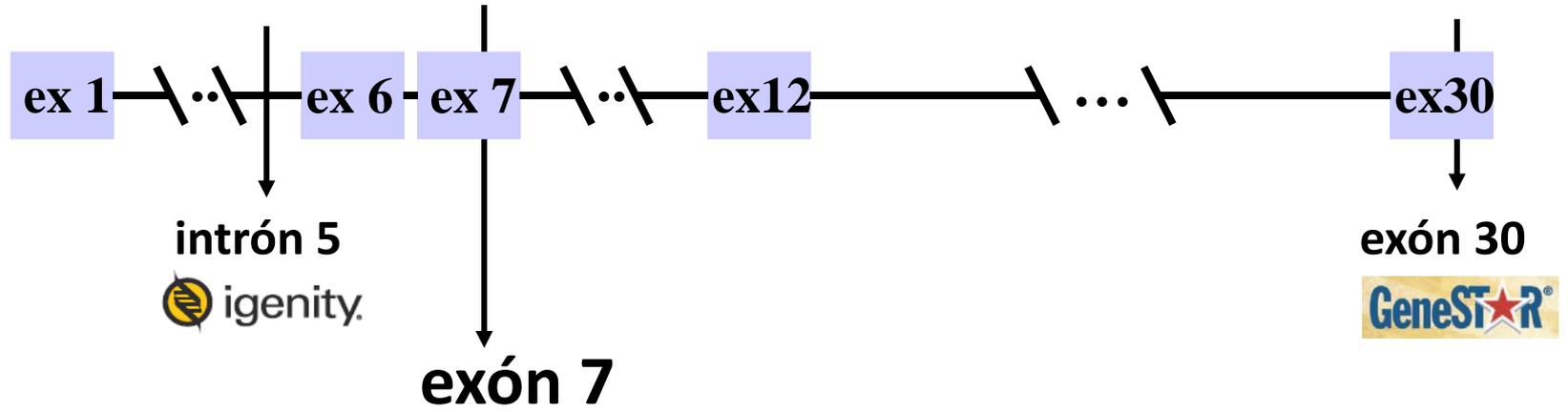
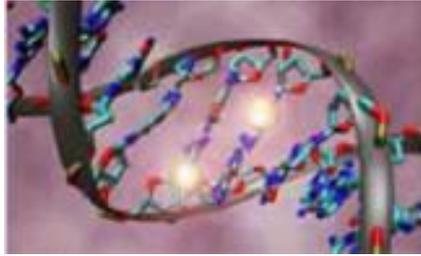
Si presenta efecto sobre la terneza en las razas estudiadas



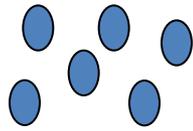
CAST



CAST



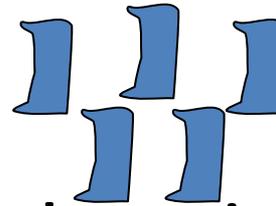
CAPN1



calpaina

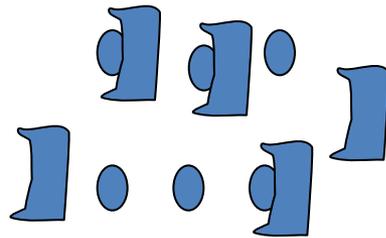
(proteolisis postmortem)

CAST



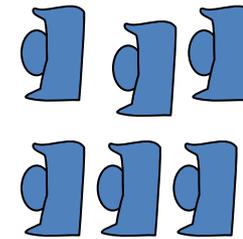
calpastatina

(inhibe la *calpaina*)



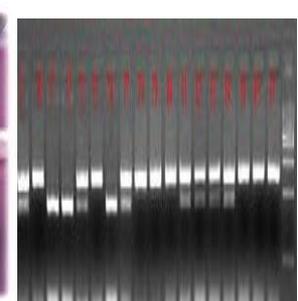
calpaina + calpastatina

(carne más tierna)

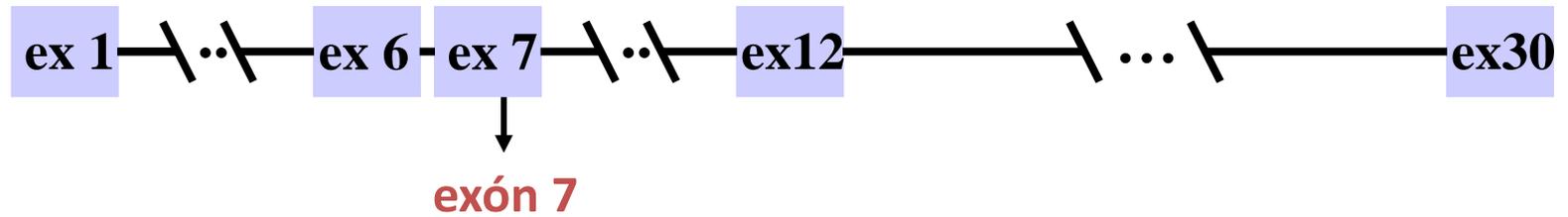


calpaina + calpastatina

(carne más dura)



CAST

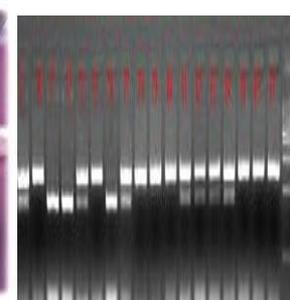
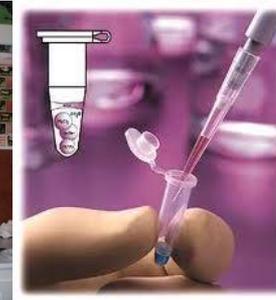


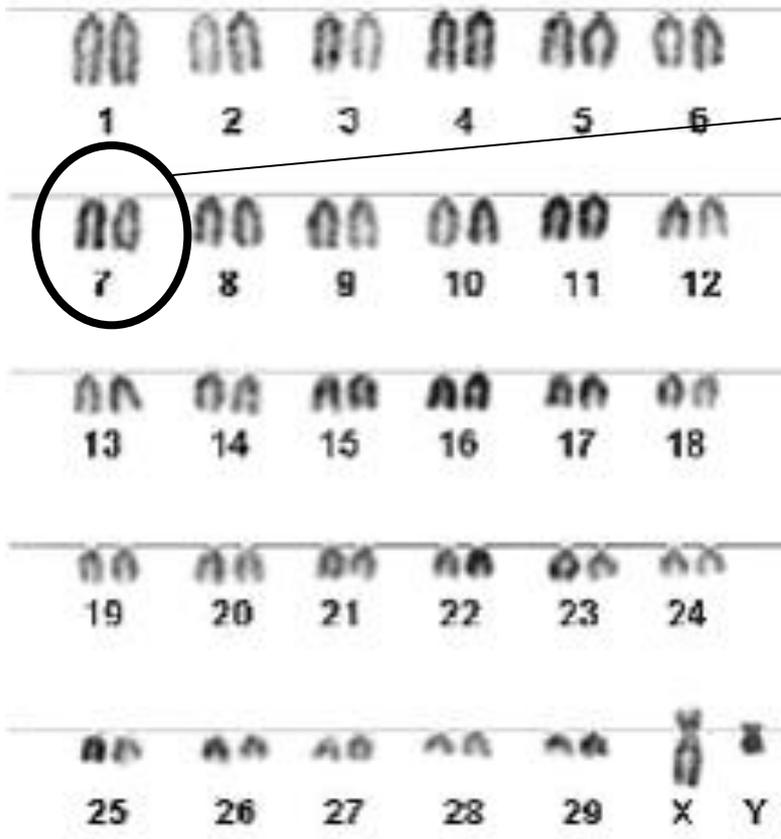
- Efecto no codominante



Sólo el genotipo GG (A/A) presenta efecto sobre la dureza

- Mayor magnitud del efecto





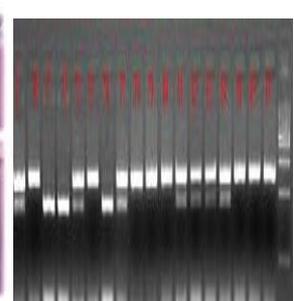
0 copias

1 copia

2 copias

Ex7

Ex7
Ex7



CAST

Aplicaciones

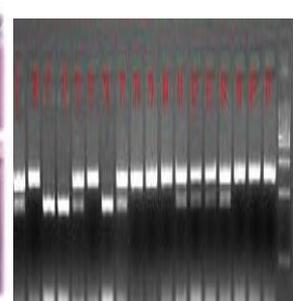
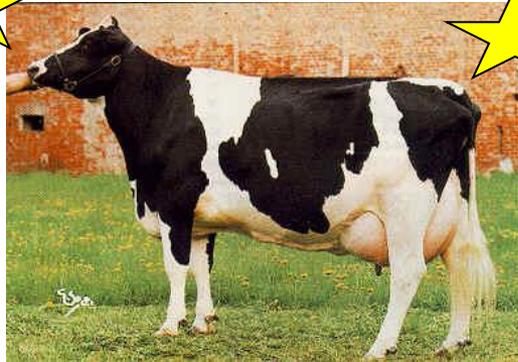
Selección asistida por marcadores (MAS) para determinadas líneas de animales.

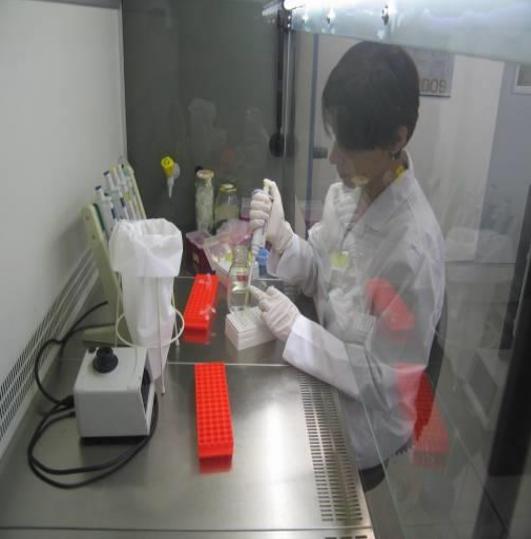
Certificación de una carne o producto cárnico más tierna, al proceder de animales que no tienen el genotipo asociado a la dureza.

Diferentes periodos de maduración según los diferentes genotipos.



Potencial





GRACIAS

