



CEST+I Invitation for expressions of interest – Working Visits in Europe and Chile



Uso de herramientas Genómicas en Ciencia animal

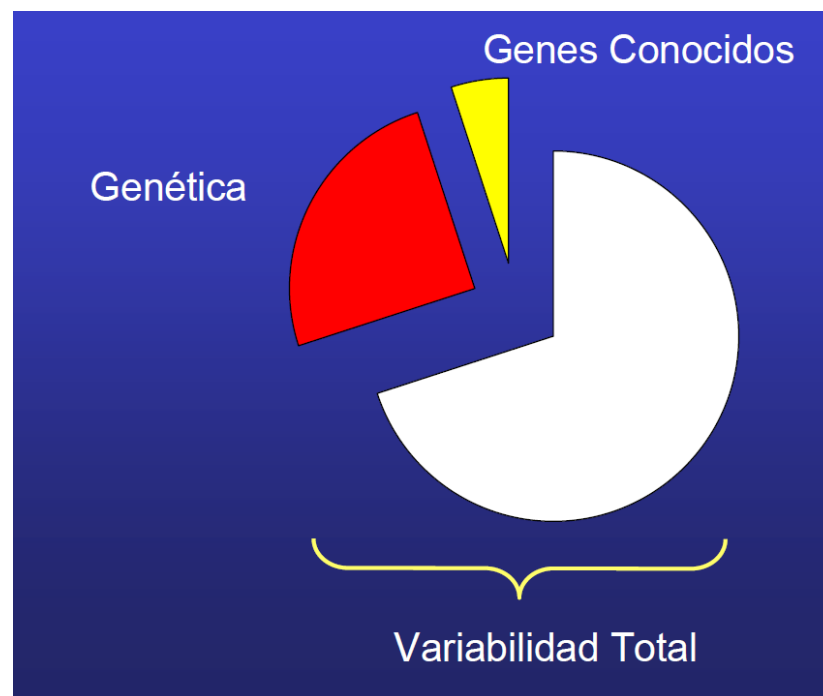
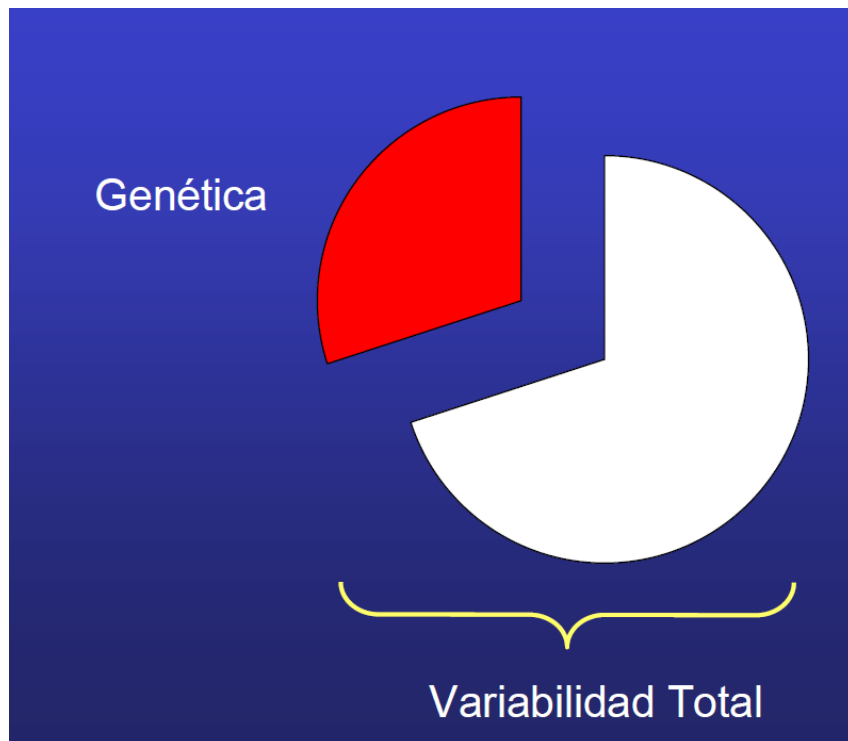
Malena Serrano Noreña (malena@inia.es)



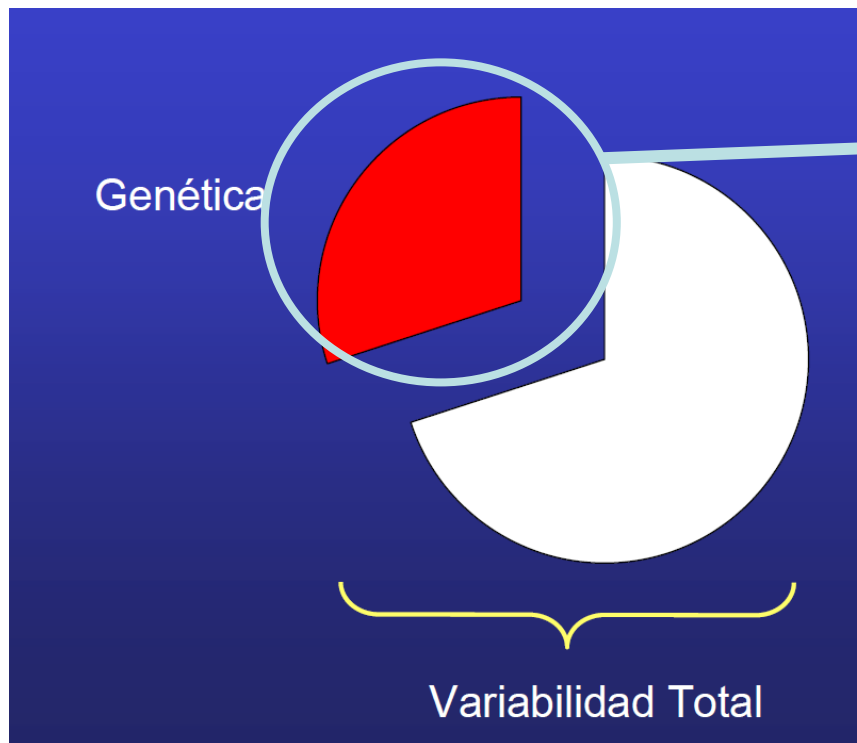
Jorge H. Calvo (jhcalvo@aragon.es)



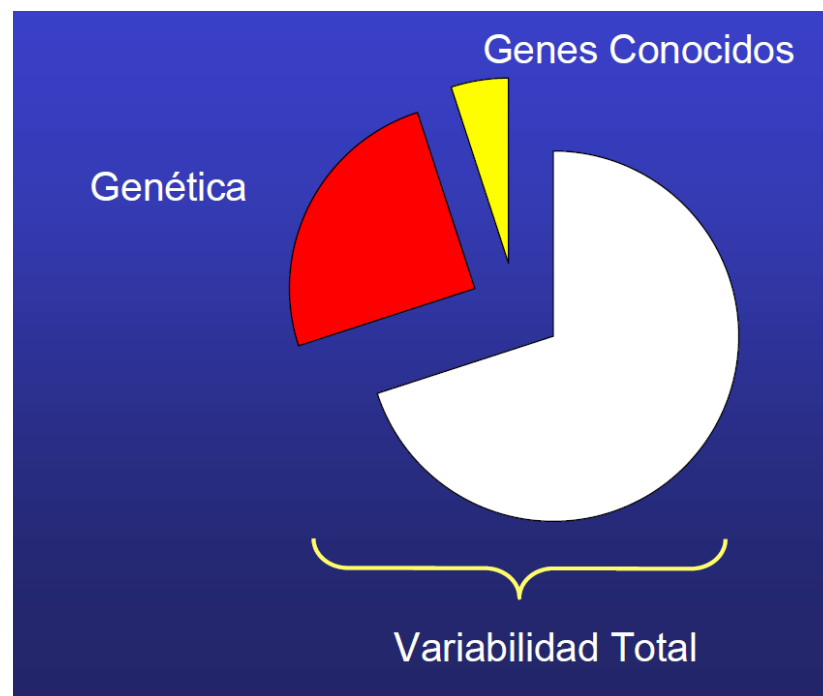
Fenotipo



Fenotipo



Heredabilidad



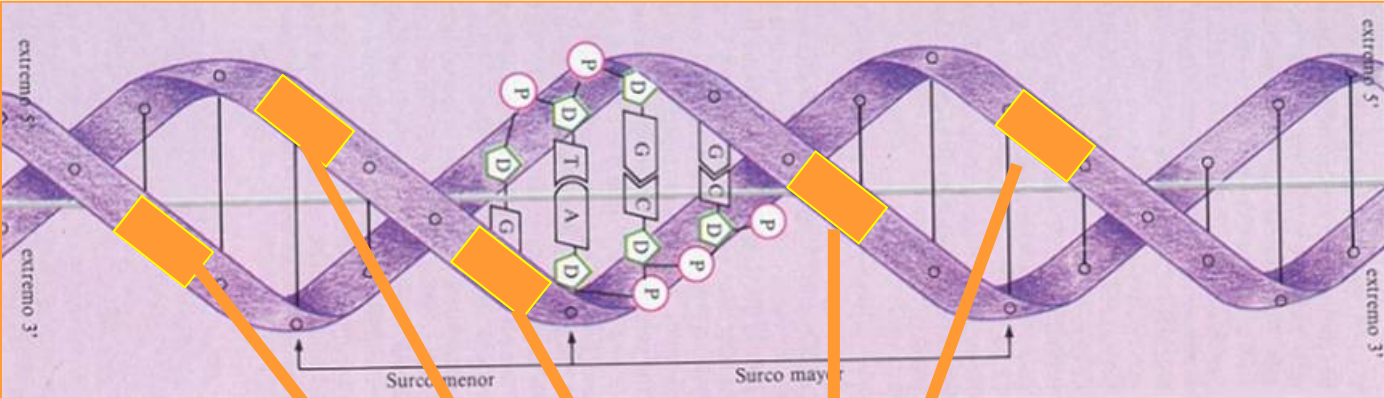
CLASES DE CARACTERES EN MEJORA GENETICA ANIMAL

- 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)**

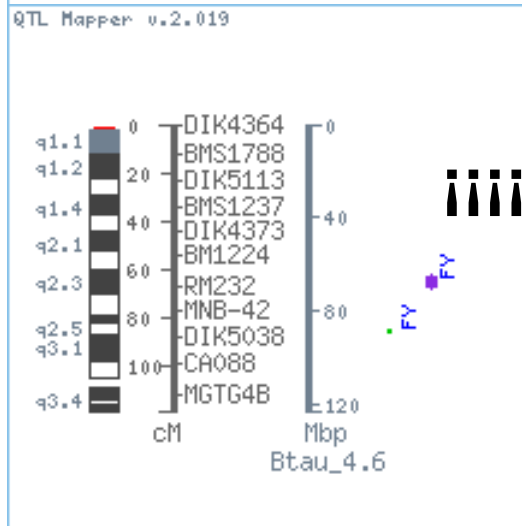
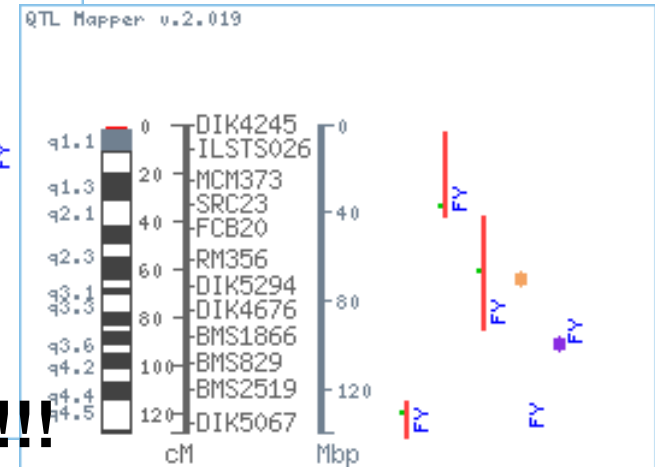
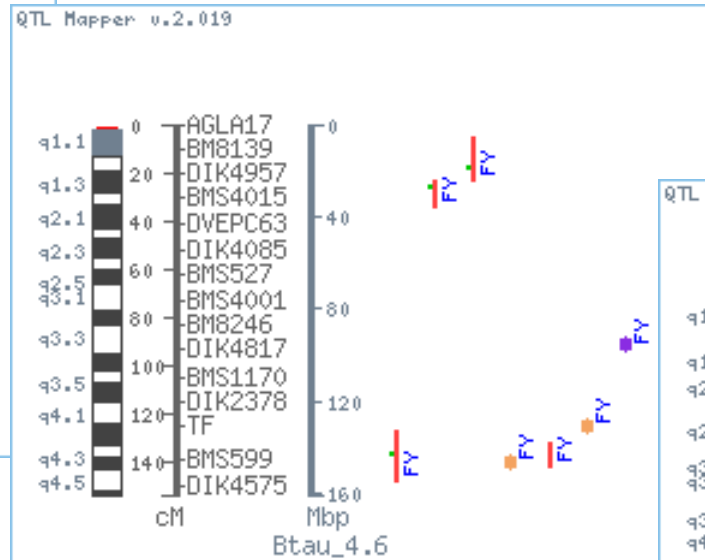
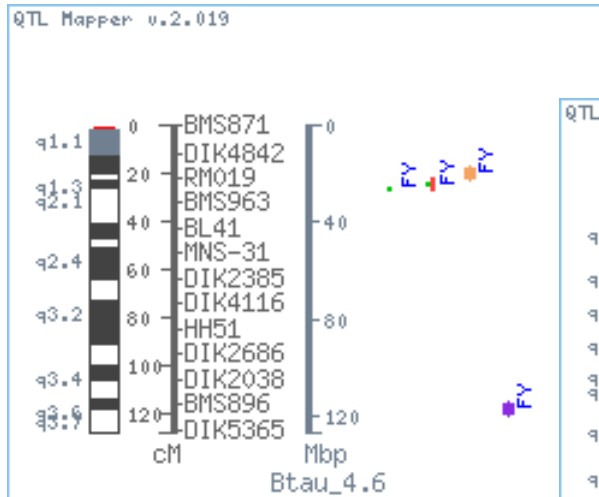
Carácter poligénico



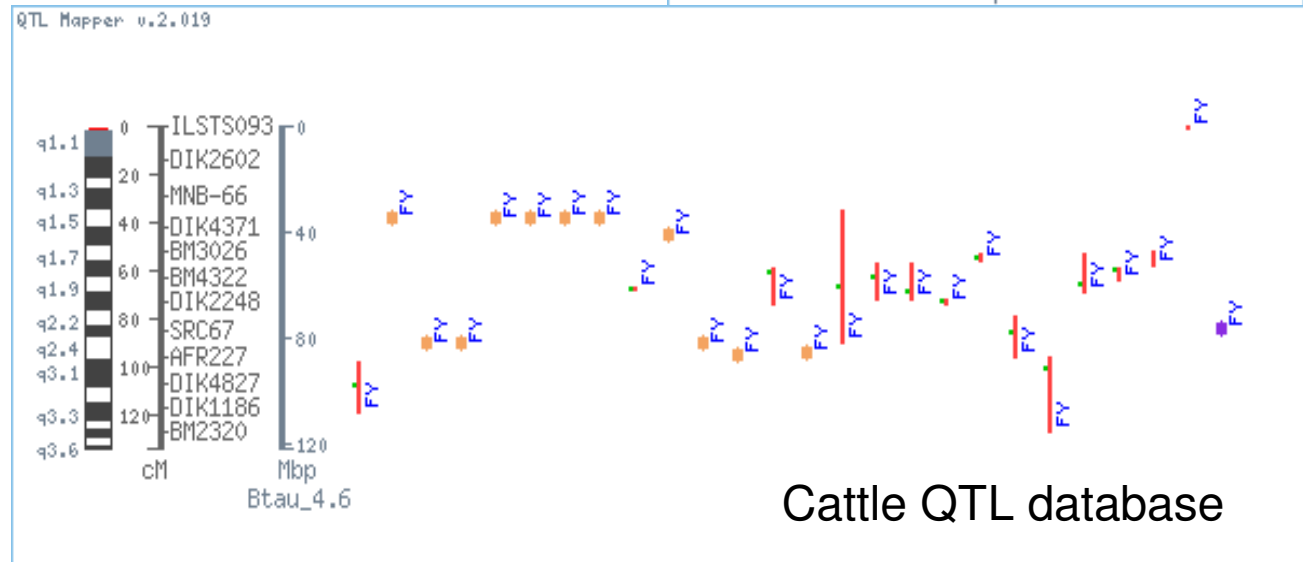
Tamaño



Grasa en al leche

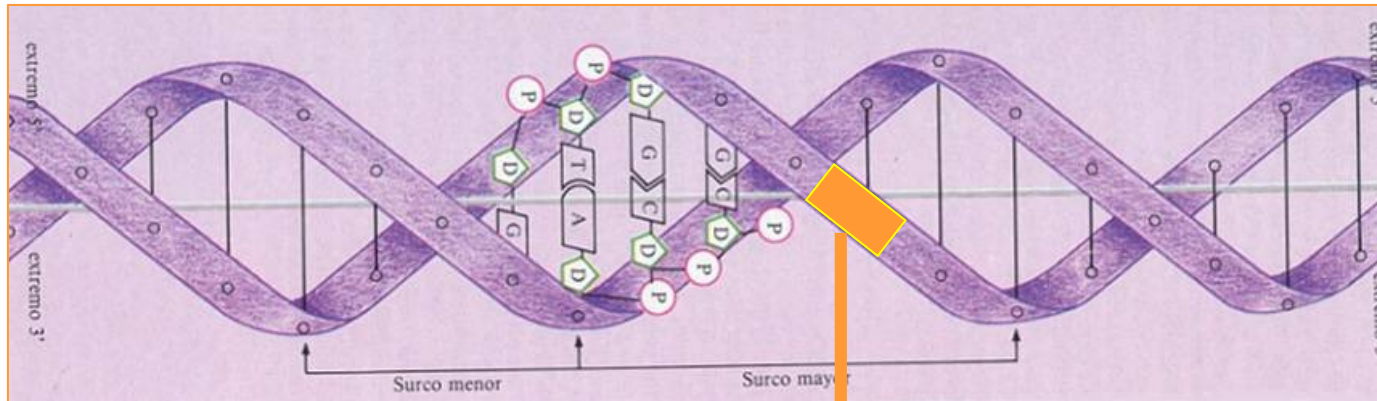


!!!! Sólo 5 cromosomas!!!!



Cattle QTL database

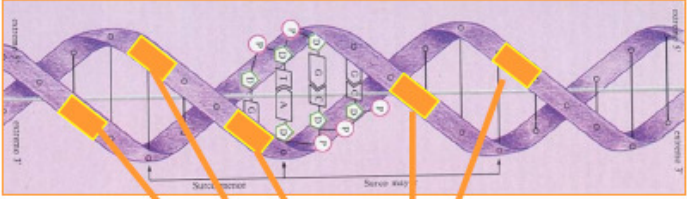
Gen Mayor



Prolificidad



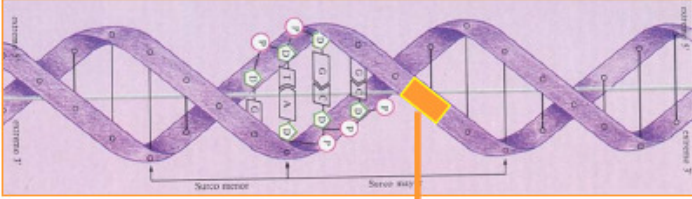
Carácter poligénico



Tamaño



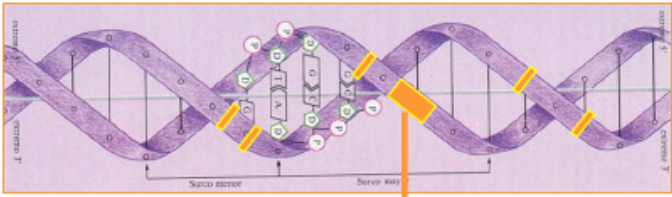
Gen Mayor



Hipertrofia muscular



Gen Mayor + poligenes



Terneza



¿Cuál es el uso potencial de la información genómica y genética?

- **Selección genómica.**
- **Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).**
- **Selección asistida por marcadores (MAS).**
- **Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.**
- **Reconstrucción genealógica y filiación.**
- **Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.**
- **Trazabilidad.**
- **Productos de calidad diferenciada.**
- **Diagnóstico de enfermedades infecciosas.**

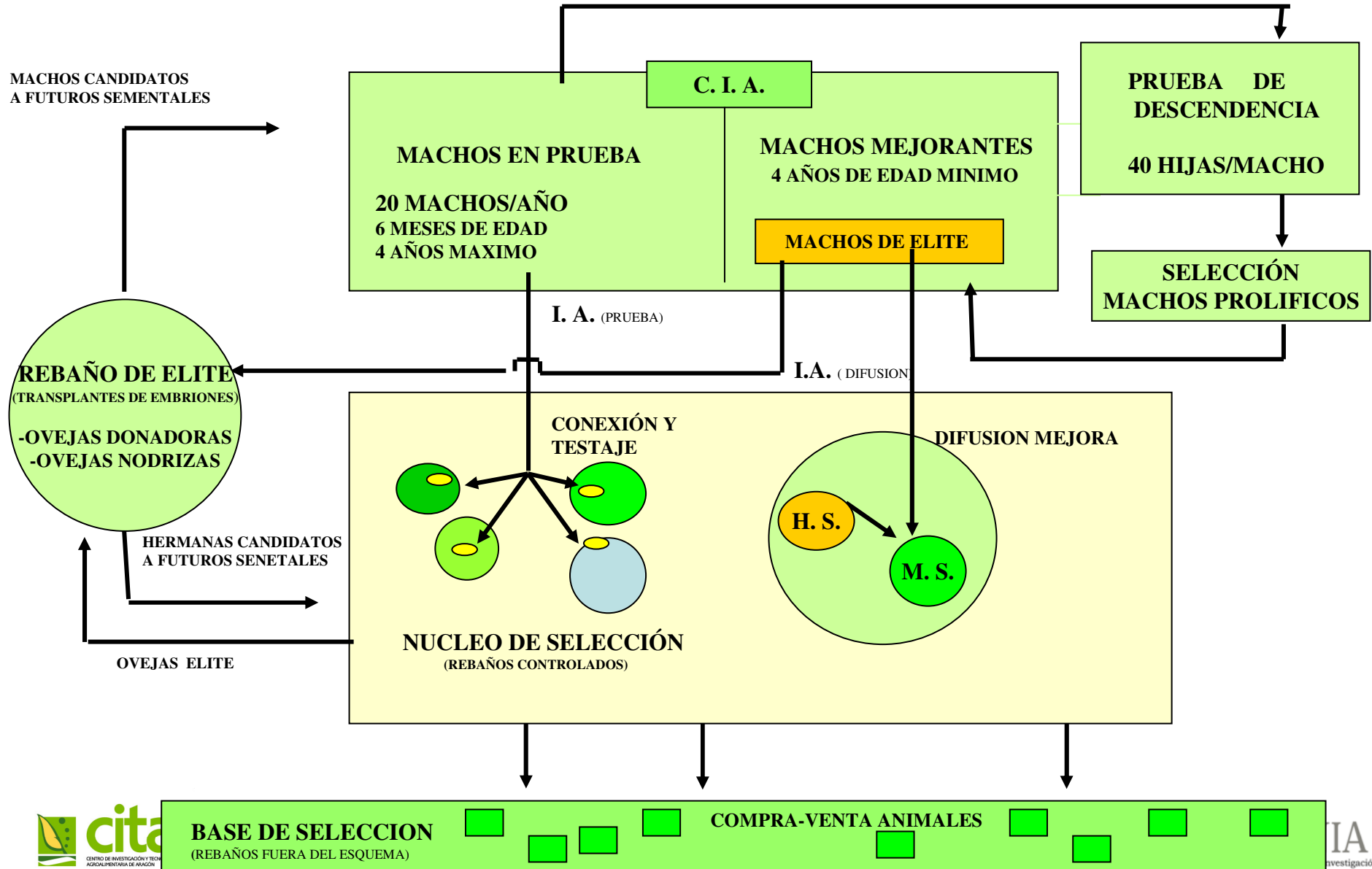
¿Cuál es el uso potencial de la información genómica y genética?

- **Selección genómica.**
- Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).
- Selección asistida por marcadores (MAS).
- Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.
- Reconstrucción genealógica y filiación.
- Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.
- Trazabilidad.
- Productos de calidad diferenciada.
- Diagnóstico de enfermedades infecciosas.

Selección clásica



ESQUEMA DE SELECCIÓN GENÉTICA PARA PROLIFICIDAD DE CARNES OVIARAGÓN EN LA RAZA RASA-ARAGONESA



CATALOGO DE SEMENTALES

(ORDENADO POR VALOR GENETICO)

FECHA DEL DOCUMENTO 27/ 3/2006

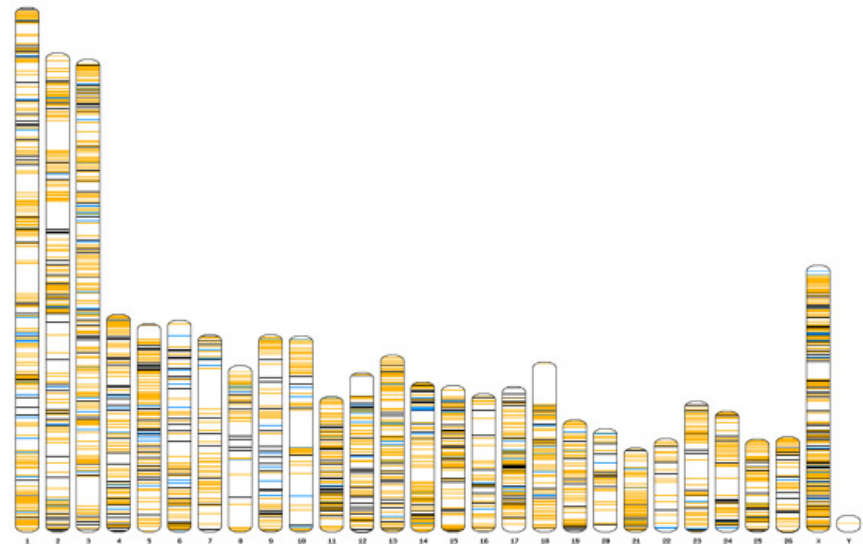
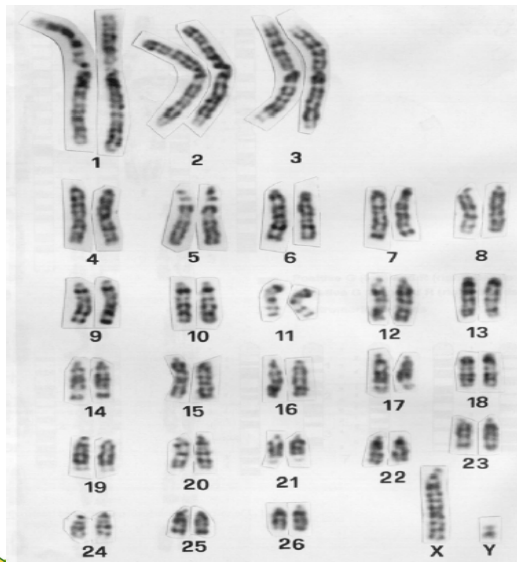
| SEMENTAL | AÑO ⁽¹⁾ | V.G. ⁽²⁾ | | FIB ⁽³⁾ | | NR ⁽⁴⁾ NH ⁽⁵⁾ | | PADRE | V.G. | | FIB | | AÑO NAC. | | | | NCN ⁽⁶⁾ | NOG ⁽⁷⁾ | G.PrP ⁽⁸⁾ |
|------------|--------------------|---------------------|------|--------------------|------|-------------------------------------|------|-----------|-------|------|-----|----|----------|----|--|--|--------------------|--------------------|----------------------|
| | | x100 | x100 | x100 | x100 | x100 | x100 | | x100 | x100 | 02 | 03 | 04 | 05 | | | | | |
| MACH04455 | 1997 | 52.61 | 90 | 76 | 394 | | | | | | | | | | | | | | |
| MACH00619 | 1998 | 35.38 | 77 | 28 | 101 | | | MACH04456 | -2.33 | 87 | | | | | | | | | |
| +MACH04583 | 1997 | 27.78 | 50 | 8 | 18 | | | | | | | | | | | | | | |
| MACH00382 | 2000 | 22.03 | 68 | 33 | 93 | | | MACH07017 | -3.52 | 59 | | | | | | | | | |
| MACH00200 | 1999 | 17.10 | 57 | 7 | 35 | | | MACH05079 | -4.68 | 80 | | | | | | | | | |
| +MACH00629 | 1997 | 14.50 | 61 | 6 | 19 | | | | | | | | | | | | | | |
| MACH00199 | 1999 | 13.41 | 55 | 18 | 35 | | | MACH05079 | -4.68 | 80 | | | | | | | | | |
| +MACH00586 | 1998 | 12.87 | 59 | 11 | 28 | | | MACH04630 | 10.94 | 79 | | | | | | | | | |
| MACH00577 | 1998 | 12.41 | 70 | 31 | 85 | | | MACH04455 | 52.61 | 90 | | | | | | | | | |
| +MACH02206 | | 12.23 | 66 | 16 | 37 | | | | | | | | | | | | | | |
| +MACH04630 | 1997 | 10.94 | 79 | 21 | 76 | | | | | | | | | | | | | | |
| +MACH00588 | 1998 | 10.70 | 65 | 9 | 34 | | | MACH00629 | 14.50 | 61 | | | | | | | | | |
| MACH00625 | 1999 | 10.33 | 67 | 13 | 41 | | | MACH04630 | 10.94 | 79 | | | | | | | | | |
| MACH00227 | 1999 | 9.87 | 51 | 10 | 26 | | | MACH04367 | 0.78 | 64 | | | | | | | | | |
| +MACH05885 | 1995 | 8.64 | 8 | 2 | 2 | | | | | | | | | | | | | | |
| MACH00563 | 1998 | 8.22 | 66 | 15 | 45 | | | MACH02503 | 7.20 | 84 | | | | | | | | | |
| +MACH01629 | 1999 | 8.02 | 39 | 5 | 9 | | | MACH04630 | 10.94 | 79 | | | | | | | | | |
| MACH00583 | 1998 | 7.98 | 70 | 20 | 53 | | | MACH00629 | 14.50 | 61 | | | | | | | | | |
| MACH00005 | 1999 | 7.76 | 71 | 30 | 83 | | | MACH05079 | -4.68 | 80 | | | | | | | | | |
| +MACH00560 | 1998 | 7.31 | 52 | 6 | 16 | | | MACH02503 | 7.20 | 84 | | | | | | | | | |
| +MACH02503 | 1994 | 7.20 | 84 | 40 | 121 | | | | | | | | | | | | | | |
| MACH72437 | 1997 | 6.76 | 53 | 11 | 33 | | | | | | | | | | | | | | |
| +MACH05124 | 1995 | 5.99 | 61 | 8 | 29 | | | | | | | | | | | | | | |
| MACH00221 | 1999 | 5.85 | 23 | 1 | 1 | | | MACH04367 | 0.78 | 64 | | | | | | | | | |
| MACH00564 | 1998 | 5.70 | 57 | 12 | 23 | | | MACH02503 | 7.20 | 84 | | | | | | | | | |
| +MACH02609 | 1996 | 5.50 | 57 | 9 | 29 | | | | | | | | | | | | | | |
| MACH00617 | 1998 | 4.77 | 71 | 13 | 49 | | | MACH00629 | 14.50 | 61 | | | | | | | | | |
| +MACH07008 | 1996 | 4.54 | 27 | 6 | 7 | | | | | | | | | | | | | | |
| MACH00592 | 1998 | 3.91 | 76 | 25 | 86 | | | MACH04455 | 52.61 | 90 | | | | | | | | | |
| +MACH00377 | 2000 | 3.37 | 60 | 18 | 46 | | | MACH04896 | -4.89 | 74 | | | | | | | | | |
| +MACH04101 | | 3.22 | 32 | 6 | 11 | | | | | | | | | | | | | | |
| MACH00609 | 1998 | 2.53 | 55 | 28 | 53 | | | MACH00629 | 14.50 | 61 | | | | | | | | | |
| +MACH05268 | 1995 | 2.49 | 64 | 7 | 27 | | | MACH00294 | -3.69 | 81 | | | | | | | | | |
| +MACH00634 | 1999 | 2.36 | 74 | 26 | 82 | | | MACH04630 | 10.94 | 79 | | | | | | | | | |
| +MACH05274 | 1995 | 2.05 | 55 | 10 | 26 | | | | | | | | | | | | | | |
| +MACH05352 | | 1.90 | 30 | 4 | 11 | | | | | | | | | | | | | | |
| MACH00630 | 1999 | 1.66 | 64 | 13 | 37 | | | MACH04630 | 10.94 | 79 | | | | | | | | | |

Microchip de SNPs

Selección genómica



Ovine SNP50BeadChip (54.241 SNPs)



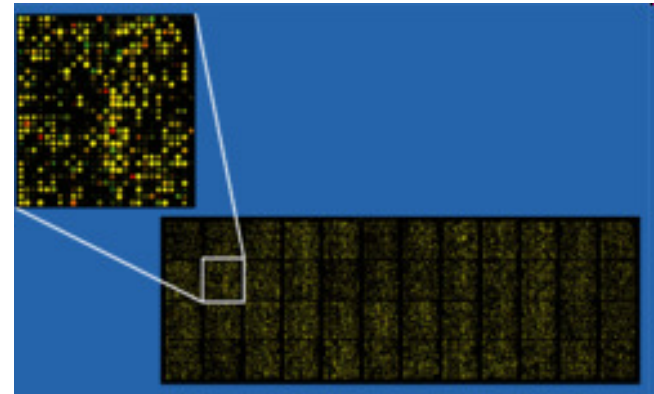
Secuencia de ADN



Microchip de SNPs



Selección genómica

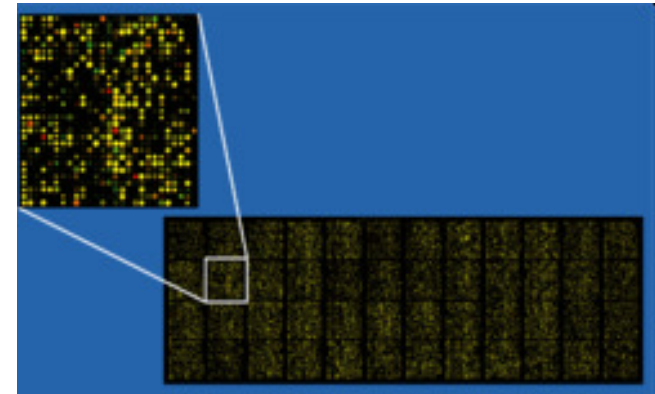


- Genotipado mediante microchips de ADN de una población de referencia con VGe mediante pruebas de descendencia.
- Mayor fiabilidad a mayor número de animales en la población de referencia.



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

Selección genómica

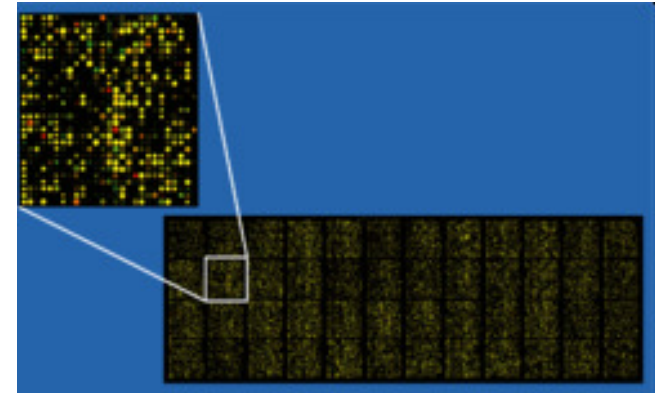


- Información complementaria a las pruebas de descendencia.
- Con la selección genómica se puede estimar el valor genético (valor genético molecular) de un individuo sin que el animal tenga hijos, ni siquiera datos propios.
- En bovino lechero: valor genético molecular (MBV) = la exactitud de la prueba 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

¿Cuál es el uso potencial de la información genómica y genética?

- Selección genómica.
- **Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).**
- Selección asistida por marcadores (MAS).
- Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.
- Reconstrucción genealógica y filiación.
- Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.
- Trazabilidad.
- Productos de calidad diferenciada.

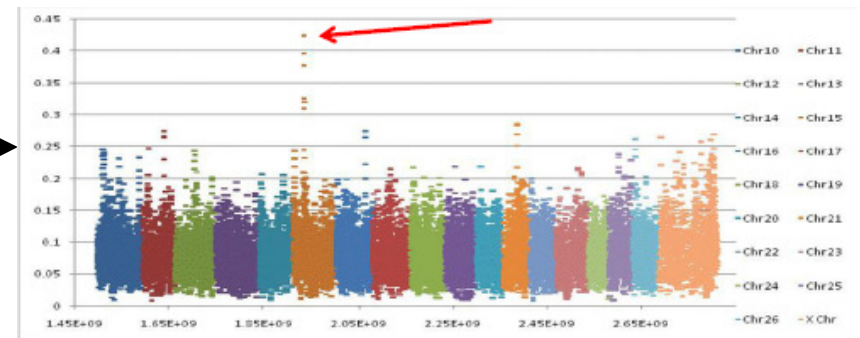
Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).



- 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

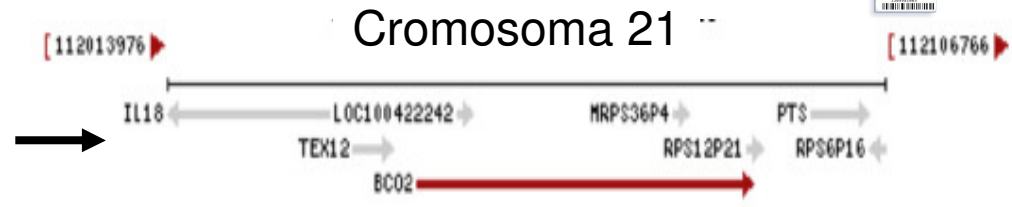
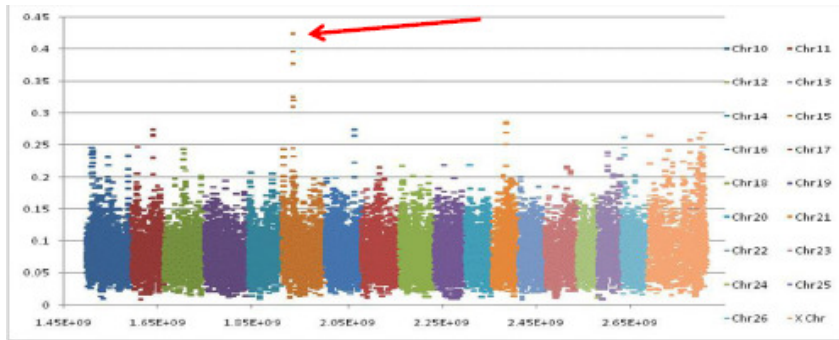


Grasa amarilla en la raza Perendale



Mutación parcialmente recesiva en el cromosoma 21

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

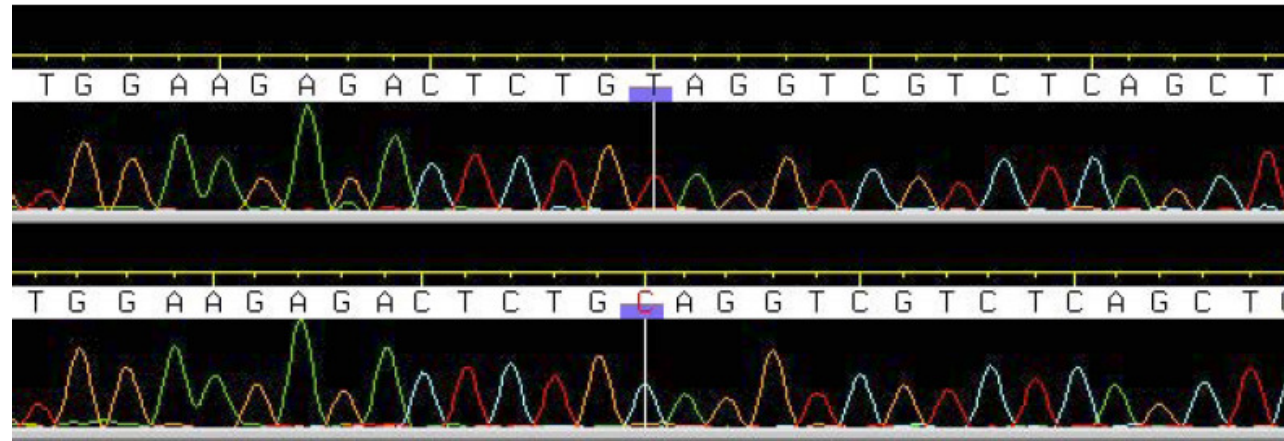


β caroteno oxigenasa 2 (BCO2)



C

T



¿Cuál es el uso potencial de la información genómica y genética?

- Selección genómica.
- Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).
- **Selección asistida por marcadores (MAS).**
- Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.
- Reconstrucción genealógica y filiación.
- Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.
- Trazabilidad.
- Productos de calidad diferenciada.

Selección asistida por marcadores (MAS).

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



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

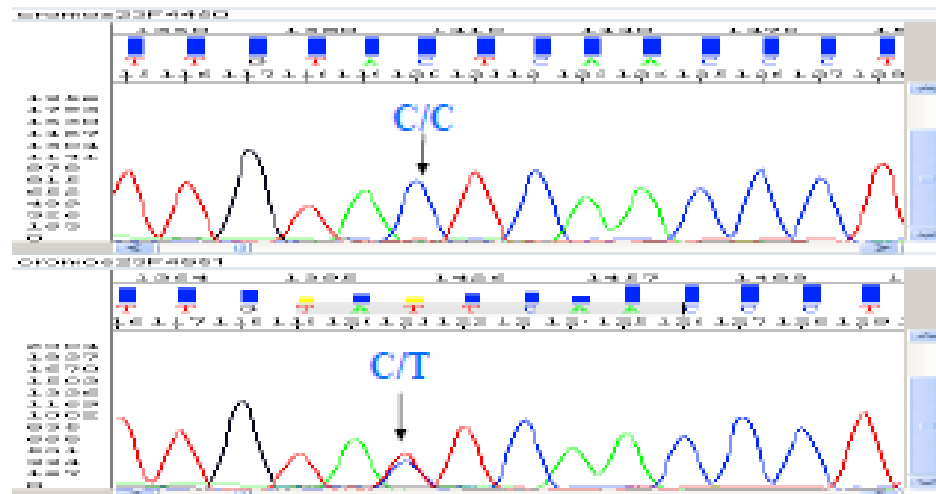
Genealogía

```
graph LR
    DP03465 --- Padre[Padre: JH01001]
    DP03465 --- Madre[Madre: DP00050]
    Padre --- AbueloPaterno[Abuelo Paterno: JH99080]
    Padre --- AbuelaPaterna[Abuela Paterna: JH98005]
    Madre --- AbueloMaterno[Abuelo Materno: DP96226]
    Madre --- AbuelaMaterna[Abuela Paterna: DP96095]
```

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

Selección asistida por marcadores (MAS).

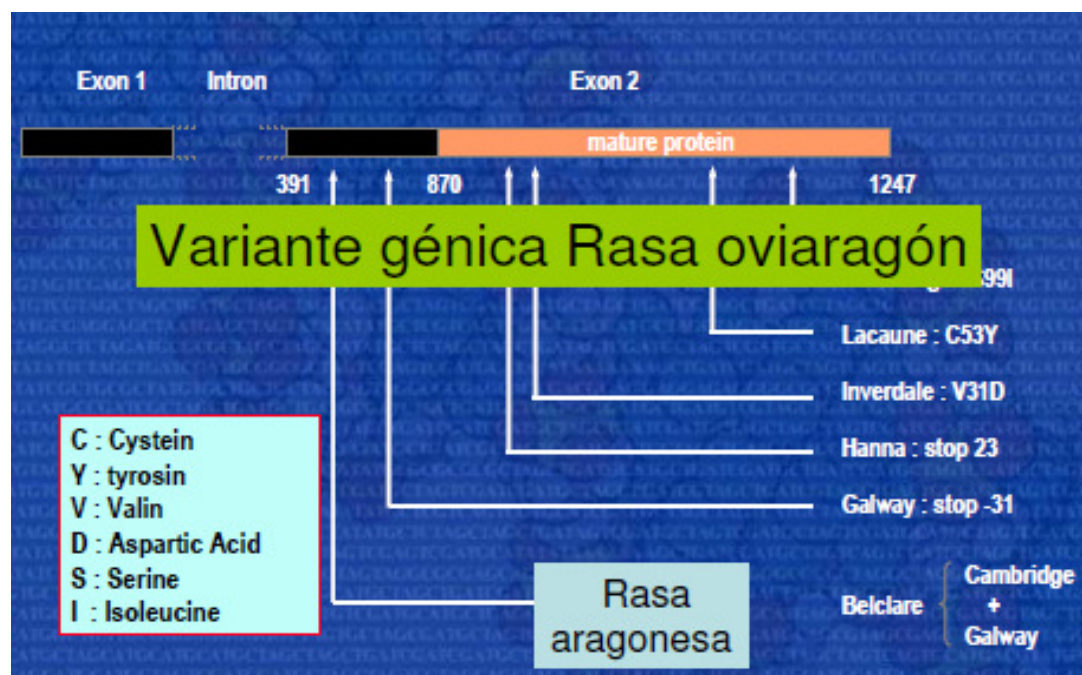
- Gen de la *Dgat1* asociado a la cantidad de grasa en bovino y en la raza ovina Sarda.



- 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 | |

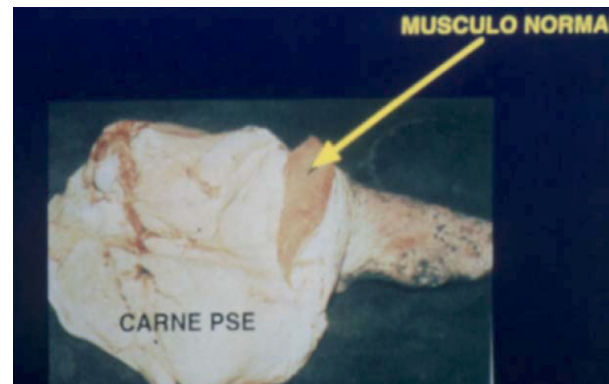


Selección asistida por marcadores (MAS).

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

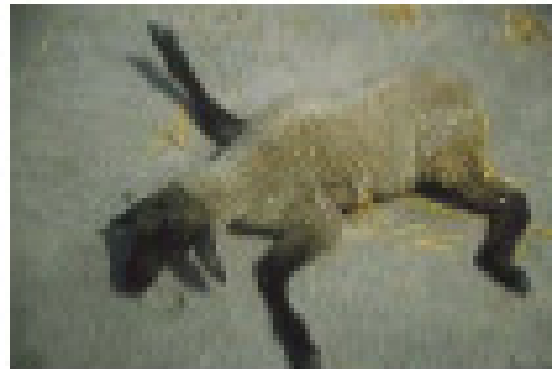


- Síndrome de estrés porcino



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).

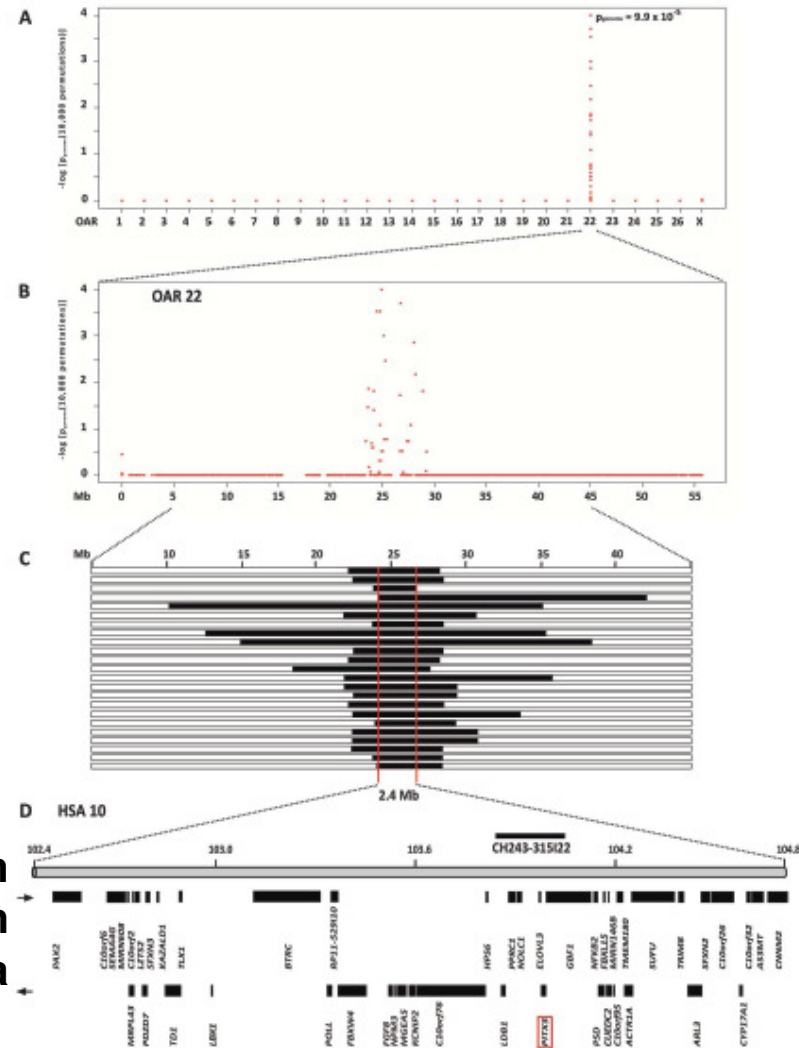
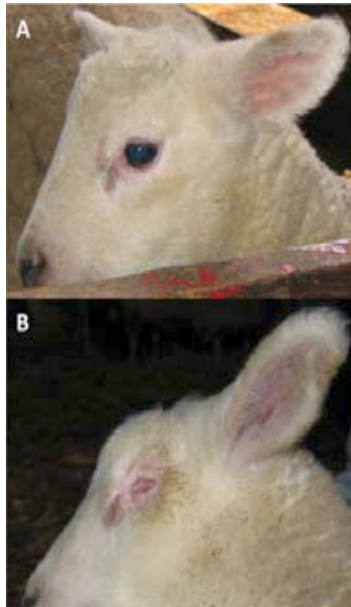


¿Cuál es el uso potencial de la información genómica y genética?

- Selección genómica.
- Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).
- Selección asistida por marcadores (MAS).
- **Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.**
- Reconstrucción genealógica y filiación.
- Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.
- Trazabilidad.
- Productos de calidad diferenciada.

Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.

- Microftalmia en ovejas Texel.



Mutación c.338G>C (Arg113Phe) en el gen *PITX3*, un factor de transcripción involucrado en la formación del cristalino, la córnea y los párpados.

¿Cuál es el uso potencial de la información genómica y genética?

- Selección genómica.
- Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).
- Selección asistida por marcadores (MAS).
- Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.
- **Reconstrucción genealógica y filiación.**
- Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.
- Trazabilidad.
- Productos de calidad diferenciada.

Reconstrucción genealógica y filiación.

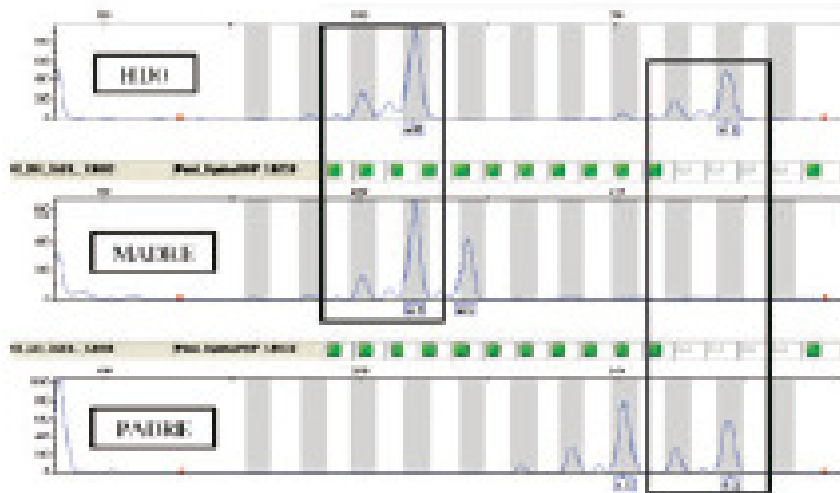
- **Reconstrucción genealógica:** Para la realización de las valoraciones genéticas es imprescindible la existencia de genealogías. En caso de que falten se pueden reconstruir mediante marcadores moleculares: microsatélites y SNPs.



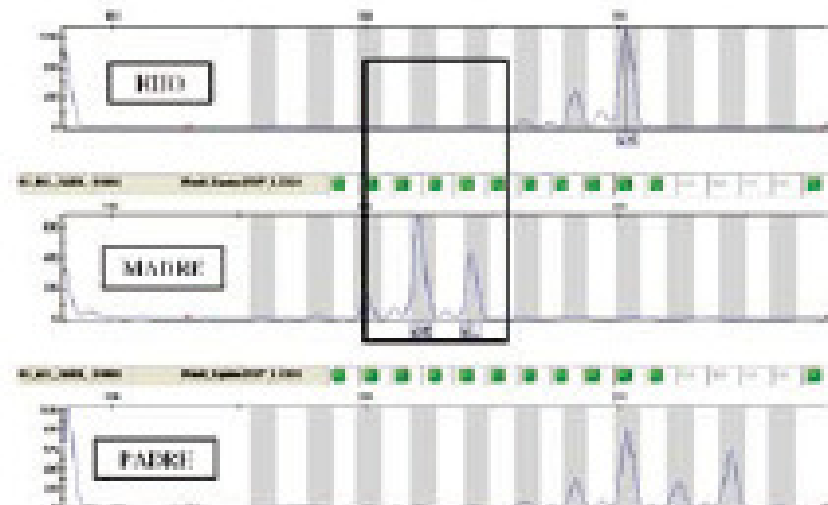
Reconstrucción genealógica y filiación.

- Filiación o asignación de paternidad: Sistemas de explotación extensivos

Caso compatible:



Caso madre no compatible :



¿Cuál es el uso potencial de la información genómica y genética?

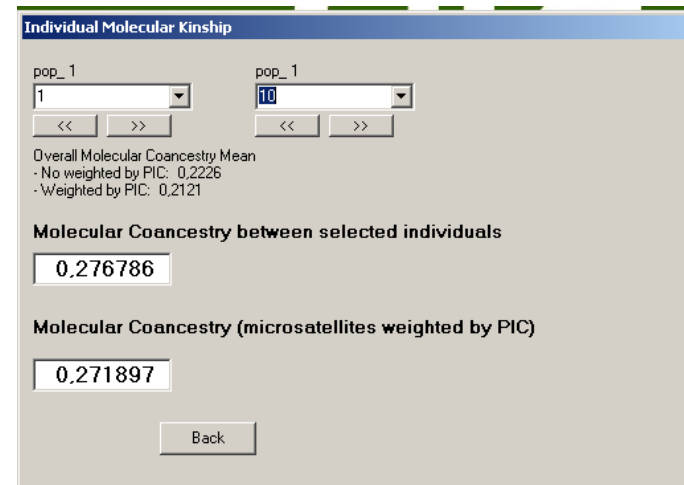
- Selección genómica.
- Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).
- Selección asistida por marcadores (MAS).
- Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.
- Reconstrucción genealógica y filiación.
- **Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.**
- Trazabilidad.
- Productos de calidad diferenciada.

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 interface titled "Individual Molecular Kinship". It features two dropdown menus for "pop_1" with values "1" and "10". Below the menus are navigation buttons "<<" and ">>". The interface displays "Overall Molecular Coancestry Mean" with two sub-values: "No weighted by PIC: 0,2226" and "Weighted by PIC: 0,2121". It also shows "Molecular Coancestry between selected individuals" with a value of "0,276786" and "Molecular Coancestry (microsatellites weighted by PIC)" with a value of "0,271897". A "Back" button is located at the bottom.

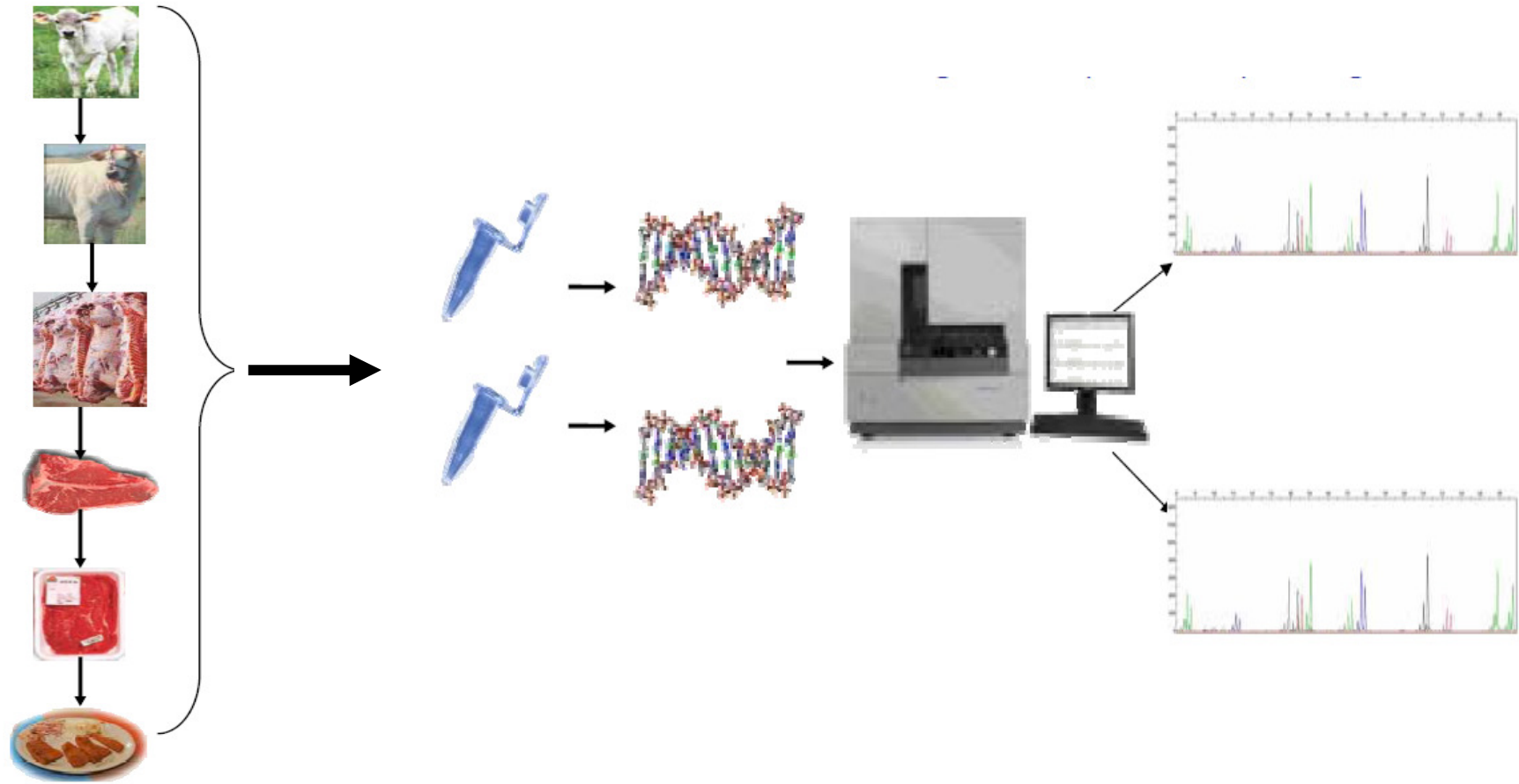
(Molkin, Gutierrez et al. 2005)

¿Cuál es el uso potencial de la información genómica y genética?

- Selección genómica.
- Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).
- Selección asistida por marcadores (MAS).
- Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.
- Reconstrucción genealógica y filiación.
- Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.
- **Trazabilidad.**
- Productos de calidad diferenciada.

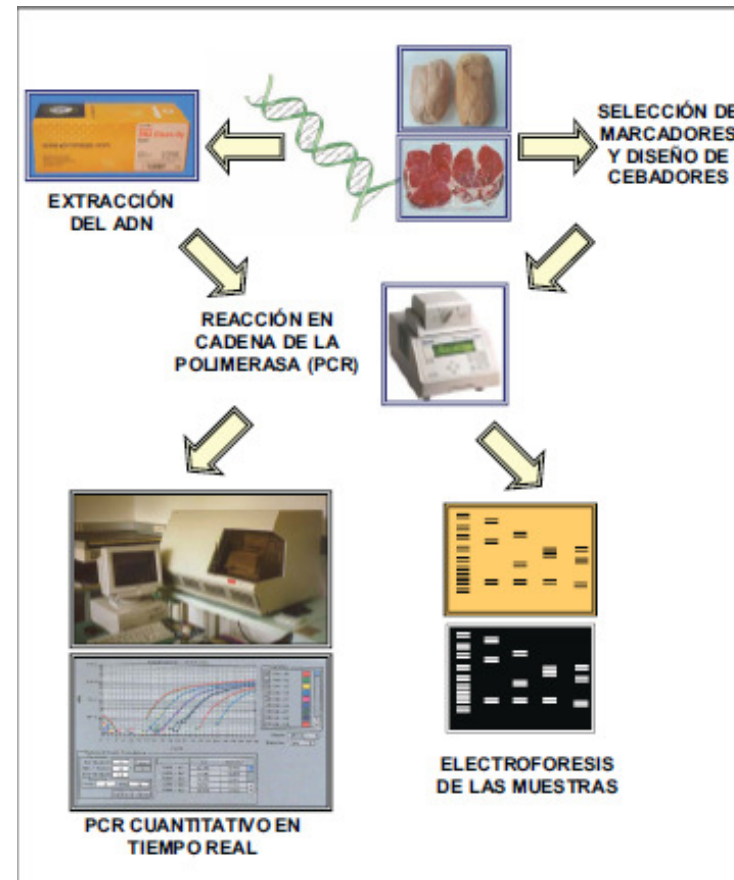
Trazabilidad.

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



¿Cuál es el uso potencial de la información genómica y genética?

- Selección genómica.
- Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).
- Selección asistida por marcadores (MAS).
- Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.
- Reconstrucción genealógica y filiación.
- Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.
- Trazabilidad.
- **Productos de calidad diferenciada.**

Productos de calidad diferenciada.

- **Terneza:** Existen mutaciones de genes descritos que pueden incrementar la terneza hasta un 30% más en bovino: Calpaina, Calpastaina.

RESUMEN DE PADRES

| nombre | NSA ata | cra Edu | Gest | Mader | Dest | Lacha | Final | CE | Altura | EGD | EGC | AOB | %GI | %CM | Terneza (SAM)* | | | | |
|-----------------------|------------|------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|----------------|-------------|--------------|--------------|---------------|
| | | | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | DEP Pres | CAST 2369 | CAPM1 316 | CAPM1 4731 |
| NOMBRE DEL TOTO | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| P.Nombre del padre | HEA | 1207 | -1.2 | +0.7 | +4.0 | +6.5 | +10.9 | +1.1 | +2.3 | +0.1 | 0.0 | -1.2 | -0.1 | -0.1 | | | | | |
| M: Nombre de la madre | 1996 | 19 | 0.96 | 0.99 | 0.99 | 0.93 | 0.97 | 0.97 | 0.98 | 0.91 | 0.91 | 0.90 | 0.89 | 0.90 | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

(*) Selección asistida por Marcadores Moleculares

- **Productos con una certificación de calidad mediante marcadores moleculares.**



Ácidos grasos más saludables para consumo humano?????

¿Cuál es el uso potencial de la información genómica y genética?

- Selección genómica.
- Estudios de asociación con el genoma completo para (GWAS).
- Selección asistida por marcadores (MAS).
- Eliminación de alelos recesivos relacionados con enfermedades o con pérdidas de producción.
- Reconstrucción genealógica y filiación.
- Uso en la conservación de razas en peligro de extinción.
- Trazabilidad.
- Productos de calidad diferenciada.
- **Diagnóstico de enfermedades infecciosas.**

Diagnóstico de enfermedades infecciosas.

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

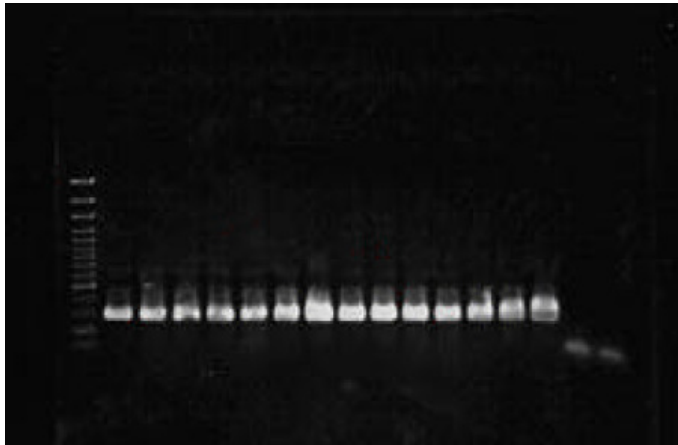
Detection of *InvA* Gene in Isolated *Salmonella* from Broilers by PCR Method

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

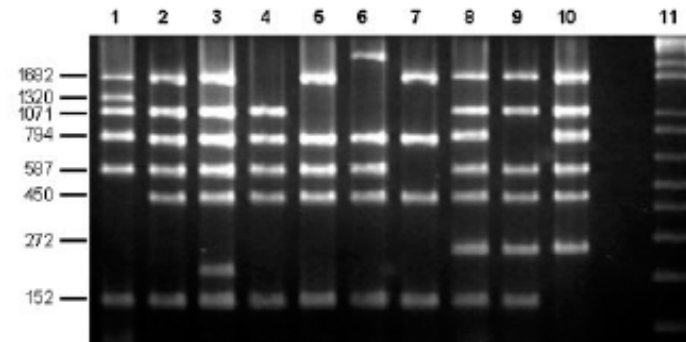
¹Department of Microbiology and Immunology, Faculty of Veterinary Medicine, Tehran University, P.O. Box: 14155-6453, Tehran, Iran,

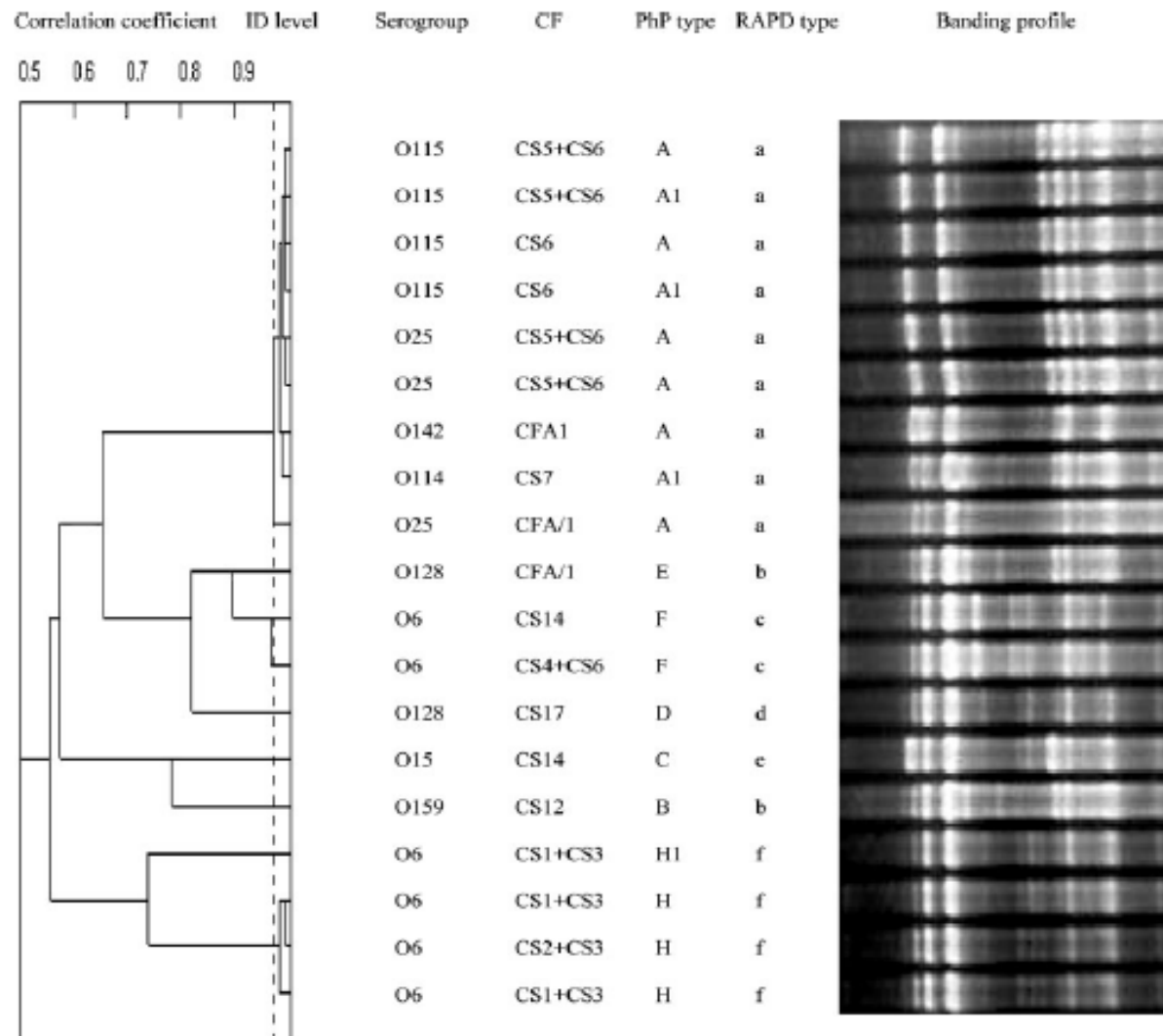
²Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Sharekord University, Iran

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





Aumento de la prolificidad mediante la Nueva Variante Genética natural FecX^R/ROA (Rasa OviAragón)

Factores de Rentabilidad de las explotaciones ovinas de Rasa Aragonesa

Incrementar el número de ovejas por UTH (Unidad de Trabajo Hombre) aumentando el censo en aquellas explotaciones en que sea posible la intensificación reproductiva y cuya disponibilidad de recursos alimenticios e instalaciones lo permitan.

Incrementar el número de corderos vendidos por oveja, mejorando sus índices productivos, especialmente la prolificidad y la producción de corderos contraestación.

Optimizar los costes de alimentación, complementando a los animales en periodos productivos, de gestación de cría, etc., y dándole un valor económico correcto a los autoconsumos. Aprovechamiento de pastos.

Factores de Rentabilidad de las explotaciones ovinas de Rasa Aragonesa

Incrementar el número de ovejas por UTH (Unidad de Trabajo Hombre) aumentando el censo en aquellas explotaciones en que sea posible la intensificación reproductiva y cuya disponibilidad de recursos alimenticios e instalaciones lo permitan.

Incrementar el número de corderos vendidos por oveja, mejorando sus índices productivos, especialmente la prolificidad y la producción de corderos contraestación.

Optimizar los costes de alimentación, complementando a los animales en periodos productivos, de gestación de cría, etc., y dándole un valor económico correcto a los autoconsumos. Aprovechamiento de pastos.

Factores de Rentabilidad de las explotaciones ovinas de Rasa Aragonesa

Incremento de prolificidad = Incremento de la rentabilidad de las explotaciones

1% = 4%

1.2 → 1.5 de prolificidad = ↑ 25%

iiiiOJO!!!! Posibilidades de manejo de la explotación

Factores de Rentabilidad de las explotaciones ovinas de Rasa Aragonesa

GESTIÓN TÉCNICO-ECONÓMICA CARNES OVIARAGON
S.C.L.

DATOS MEDIOS (2002-2006)
MEDIA REBAÑOS
PROY. MEDIA
GENERAL

DATOS ESTRUCTURALES

| | | |
|---------------------|-------|-------|
| Número ovejas | 688,6 | 724,2 |
| Número UTH | 1,33 | 1,40 |
| % UTH familiar | 99 | 91 |
| Número UTH familiar | 1,32 | 1,20 |
| Número ovejas/UTH | 501,3 | 521,2 |

Fantova *et al.* 2006

Factores de Rentabilidad de las explotaciones ovinas de Rasa Aragonesa

ÍNDICES TÉCNICOS

| | | |
|---------------------------------------|------|-------|
| Número partos/oveja | 1,27 | 1,17 |
| Prolificidad | 1,53 | 1,33 |
| % Partos dobles | 43,2 | 30,2 |
| % Partos más de dos corderos | 4,9 | 1,4 |
| Número corderos nacidos/oveja | 1,94 | 1,56 |
| % Abortos | 1,8 | 1,8 |
| % Mortalidad de corderos | 9,20 | 11,11 |
| % Corderos nacidos muertos | 42,4 | 24,7 |
| % Corderos muertos primeros tres días | 25,0 | 25,2 |
| % Corderos muertos 3 días a destete | 31,9 | 46,7 |
| % Corderos muertos cebo | 0,7 | 3,0 |

Fantova *et al.* 2006

Factores de Rentabilidad de las explotaciones ovinas de Rasa Aragonesa

RESULTADOS ECONÓMICOS OVEJA

| | | |
|--|-------|-------|
| Margen Bruto sin mano de obra familiar | 72,12 | 49,35 |
| Margen Bruto con mano de obra familiar | 48,19 | 26,12 |

RESULTADOS ECONÓMICOS UTH

| | | |
|--|-------|-------|
| Margen Bruto sin mano de obra familiar | 35192 | 25150 |
| Margen Bruto con mano de obra familiar | 23444 | 14320 |

Fantova *et al.* 2006



ESQUEMA DE SELECCIÓN GENÉTICA PARA PROLIFICIDAD DE CARNES OVIARAGÓN EN LA RAZA RASA-ARAGONESA

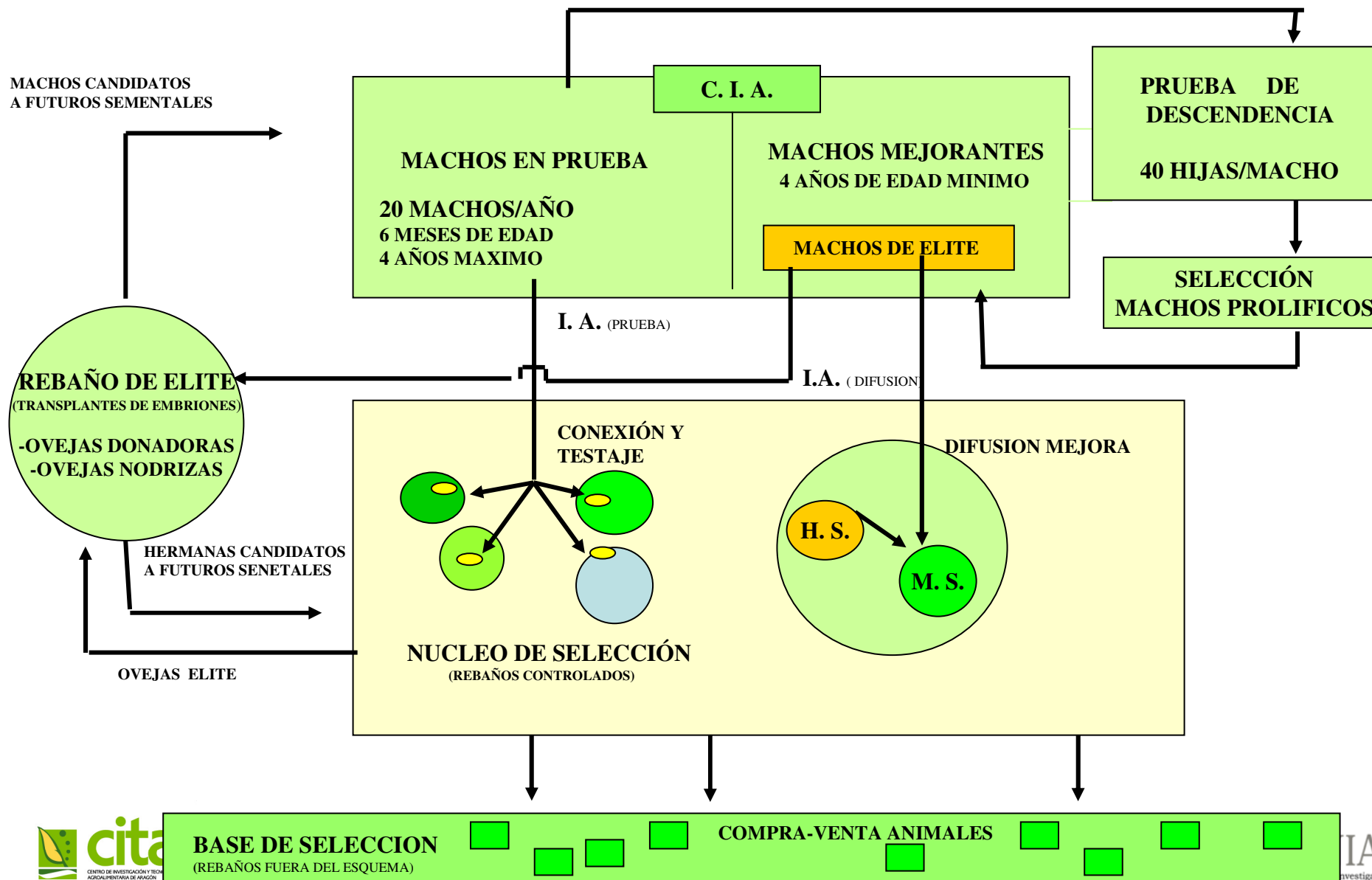




FIGURA 2.-TENDENCIAS GENÉTICAS EN REBAÑOS CONECTADOS DE OVEJAS CON PADRES CONOCIDOS, DESCONOCIDOS Y TOTALES

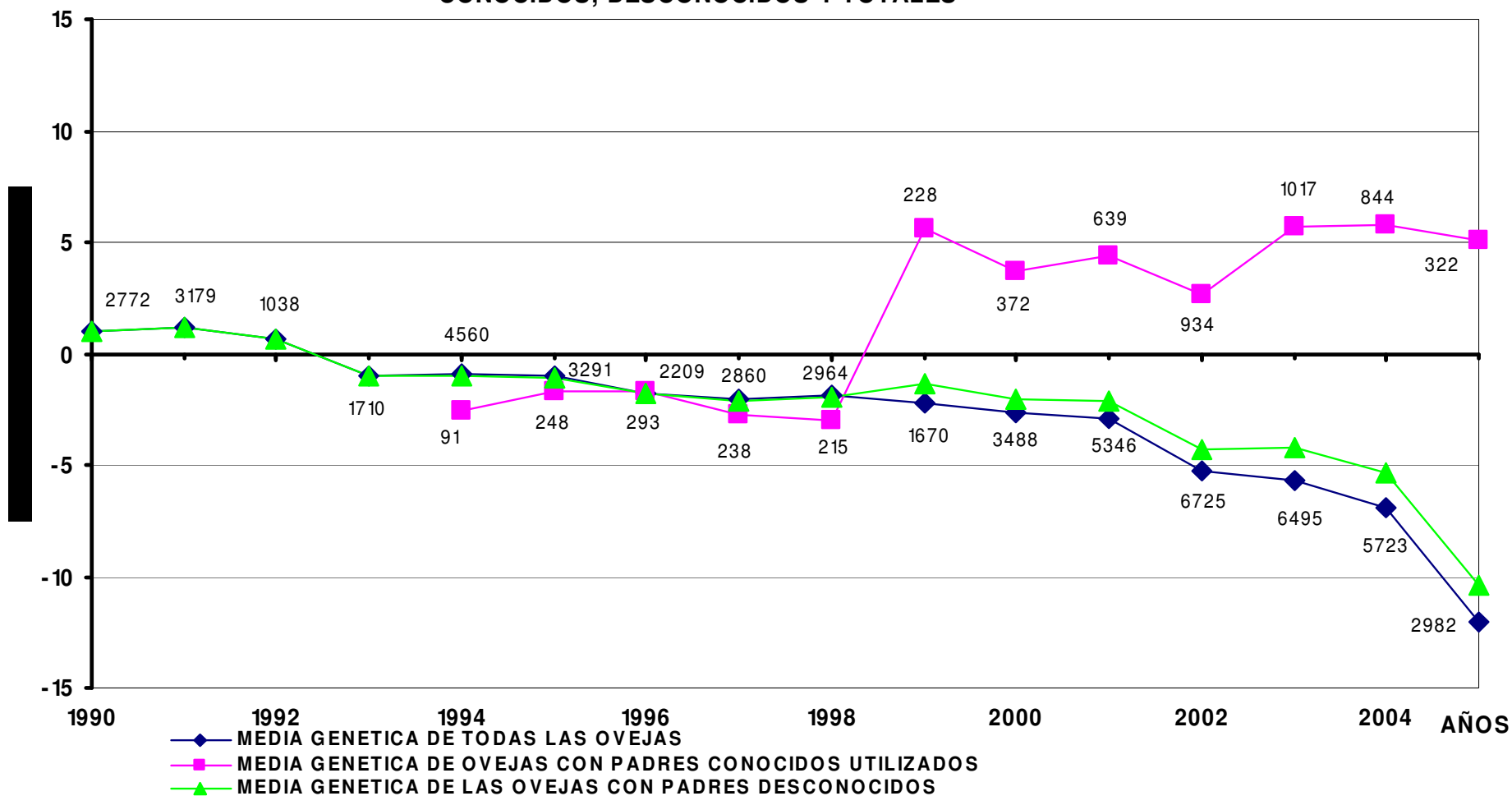
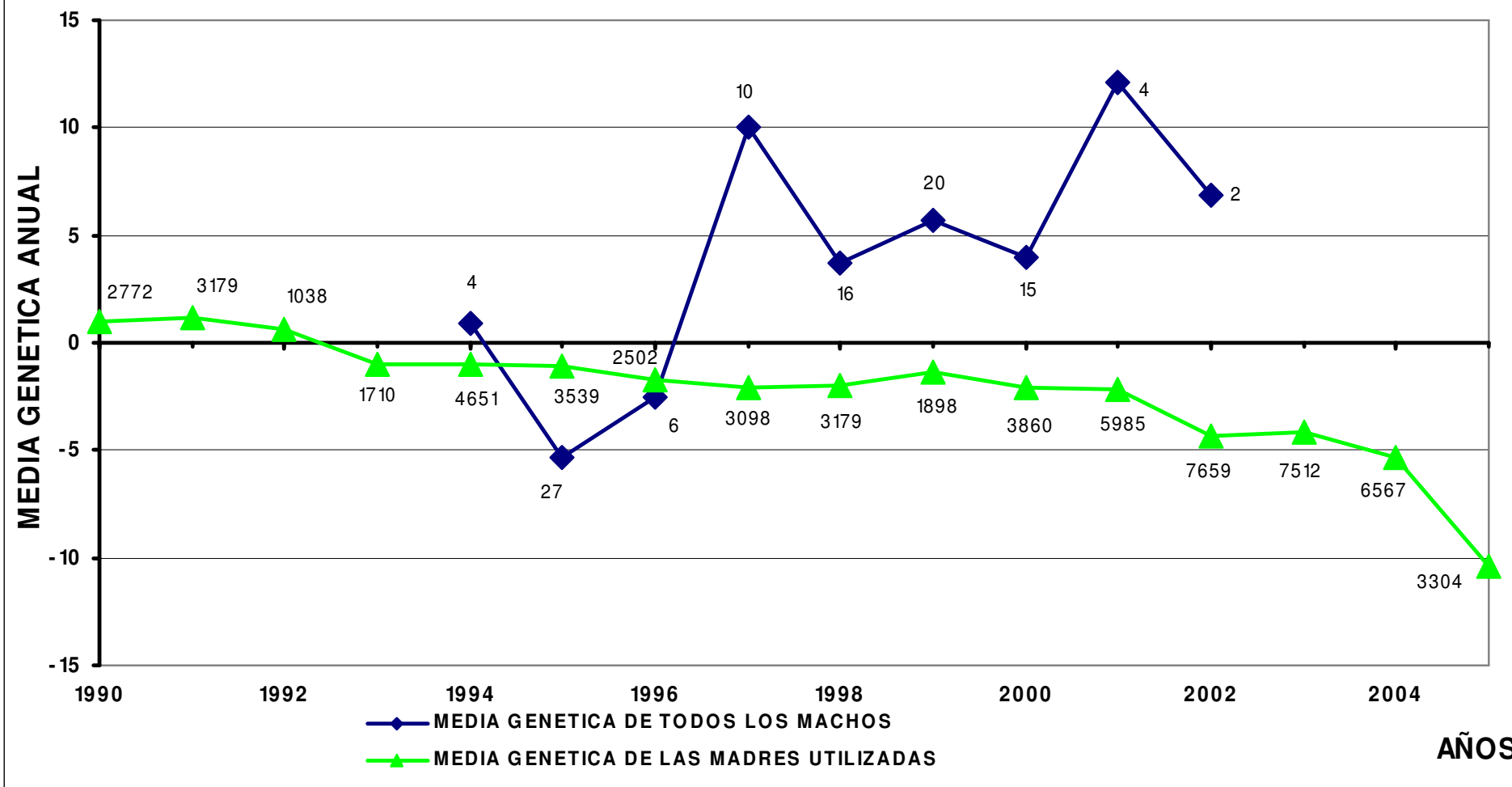


FIGURA 1.-TENDENCIA GENETICA EN REBAÑOS CONECTADOS



CATALOGO DE SEMENTALES

(ORDENADO POR VALOR GENETICO)

FECHA DEL DOCUMENTO 27/ 3/2006

| SEMENTAL | AÑO ⁽¹⁾ | V.G. ⁽²⁾ x100 | FIB ⁽³⁾ x100 | NR ⁽⁴⁾ NH ⁽⁵⁾ | PADRE | V.G. x100 | FIB x100 | MADRE | V.G. x100 | FIB x100 | AÑO NAC. HIJAS | | | | | NCN ⁽⁶⁾ | NOG ⁽⁷⁾ | G.PrP ⁽⁸⁾ |
|------------|--------------------|-----------------------------|----------------------------|-------------------------------------|-----------|--------------|-------------|-----------|--------------|-------------|-----------------|------|-----|---------|--|--------------------|--------------------|----------------------|
| | | | | | | | | | | | 02 | 03 | 04 | 05 | | | | |
| MACH04455 | 1997 | 52.61 | 90 | 76 394 | | | | Z20603188 | 41.51 | 47 | 160 579 474 398 | 1611 | 295 | ARQ/ARQ | | | | |
| MACH00619 | 1998 | 35.38 | 77 | 28 101 | MACH04456 | -2.33 | 87 | Z09890725 | 27.48 | 42 | 0 70 144 126 | 340 | 37 | ARQ/ARQ | | | | |
| +MACH04583 | 1997 | 27.78 | 50 | 8 18 | | | | Z20643412 | 24.05 | 30 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| MACH00382 | 2000 | 22.03 | 68 | 33 93 | MACH07017 | -3.52 | 59 | Z20205268 | 26.78 | 41 | 94 186 4 0 | 284 | 93 | ARQ/ARQ | | | | |
| MACH00200 | 1999 | 17.10 | 57 | 7 35 | MACH05079 | -4.68 | 80 | Z09894847 | 16.09 | 53 | 11 31 17 3 | 62 | 35 | ARR/ARQ | | | | |
| +MACH00629 | 1997 | 14.50 | 61 | 6 19 | | | | Z09894847 | 16.09 | 53 | 2 3 0 0 | 5 | 2 | | | | | |
| MACH00199 | 1999 | 13.41 | 55 | 18 35 | MACH05079 | -4.68 | 80 | Z09894847 | 16.09 | 53 | 62 44 24 14 | 144 | 35 | ARQ/ARQ | | | | |
| +MACH00586 | 1998 | 12.87 | 59 | 11 28 | MACH04630 | 10.94 | 79 | H10092721 | 10.30 | 33 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| MACH00577 | 1998 | 12.41 | 70 | 31 85 | MACH04455 | 52.61 | 90 | H10092078 | -0.77 | 34 | 0 105 185 137 | 427 | 60 | ARQ/ARQ | | | | |
| +MACH02206 | | 12.23 | 66 | 16 37 | | | | | | | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| +MACH04630 | 1997 | 10.94 | 79 | 21 76 | | | | H10988008 | 21.70 | 32 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| +MACH00588 | 1998 | 10.70 | 65 | 9 34 | MACH00629 | 14.50 | 61 | Z09891139 | 5.92 | 48 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| MACH00625 | 1999 | 10.33 | 67 | 13 41 | MACH04630 | 10.94 | 79 | Z21111017 | 3.02 | 44 | 0 0 0 61 | 61 | 0 | ARQ/ARQ | | | | |
| MACH00227 | 1999 | 9.87 | 51 | 10 26 | MACH04367 | 0.78 | 64 | Z09893569 | 10.28 | 40 | 71 4 30 55 | 160 | 26 | ARQ/ARQ | | | | |
| +MACH05885 | 1995 | 8.64 | 8 | 2 2 | | | | H10091733 | 10.59 | 22 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| MACH00563 | 1998 | 8.22 | 66 | 15 45 | MACH02503 | 7.20 | 84 | H10092197 | 14.42 | 41 | 0 26 18 23 | 67 | 15 | ARQ/ARQ | | | | |
| +MACH01629 | 1999 | 8.02 | 39 | 5 9 | MACH04630 | 10.94 | 79 | Z21141465 | 7.52 | 18 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| MACH00583 | 1998 | 7.98 | 70 | 20 53 | MACH00629 | 14.50 | 61 | Z09891139 | 5.92 | 48 | 0 30 148 243 | 421 | 15 | ARR/ARQ | | | | |
| MACH00005 | 1999 | 7.76 | 71 | 30 83 | MACH05079 | -4.68 | 80 | Z09891075 | 14.00 | 37 | 135 28 52 51 | 266 | 59 | | | | | |
| +MACH00560 | 1998 | 7.31 | 52 | 6 16 | MACH02503 | 7.20 | 84 | H10092197 | 14.42 | 41 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| +MACH02503 | 1994 | 7.20 | 84 | 40 121 | | | | Z09892280 | 6.36 | 44 | 75 17 0 0 | 92 | 39 | | | | | |
| MACH72437 | 1997 | 6.76 | 53 | 11 33 | | | | Z09891059 | 17.25 | 33 | 5 13 10 35 | 63 | 7 | ARQ/ARQ | | | | |
| +MACH05124 | 1995 | 5.99 | 61 | 8 29 | | | | H10090654 | 0.38 | 26 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| MACH00221 | 1999 | 5.85 | 23 | 1 1 | MACH04367 | 0.78 | 64 | Z09891024 | 11.54 | 23 | 0 0 3 0 | 3 | 1 | ARQ/ARQ | | | | |
| MACH00564 | 1998 | 5.70 | 57 | 12 23 | MACH02503 | 7.20 | 84 | H10091186 | 3.06 | 36 | 0 2 62 180 | 244 | 2 | ARR/ARQ | | | | |
| +MACH02609 | 1996 | 5.50 | 57 | 9 29 | | | | Z09890624 | -0.90 | 44 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| MACH00617 | 1998 | 4.77 | 71 | 13 49 | MACH00629 | 14.50 | 61 | Z09891139 | 5.92 | 48 | 0 5 43 17 | 65 | 6 | ARR/ARQ | | | | |
| +MACH07008 | 1996 | 4.54 | 27 | 6 7 | | | | Z20736246 | 10.33 | 29 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| MACH00592 | 1998 | 3.91 | 76 | 25 86 | MACH04455 | 52.61 | 90 | Z09893602 | -4.05 | 38 | 3 65 32 22 | 122 | 33 | ARQ/ARQ | | | | |
| +MACH00377 | 2000 | 3.37 | 60 | 18 46 | MACH04896 | -4.89 | 74 | H10091041 | 10.08 | 42 | 104 4 22 8 | 138 | 30 | ARQ/ARQ | | | | |
| +MACH04101 | | 3.22 | 32 | 6 11 | | | | | | | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| MACH00609 | 1998 | 2.53 | 55 | 28 53 | MACH00629 | 14.50 | 61 | Z09891139 | 5.92 | 48 | 0 67 211 199 | 477 | 53 | ARR/ARR | | | | |
| +MACH05268 | 1995 | 2.49 | 64 | 7 27 | MACH00294 | -3.69 | 81 | Z20204100 | 2.85 | 32 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| +MACH00634 | 1999 | 2.36 | 74 | 26 82 | MACH04630 | 10.94 | 79 | Z21111017 | 3.02 | 44 | 103 4 2 0 | 109 | 50 | ARR/ARQ | | | | |
| +MACH05274 | 1995 | 2.05 | 55 | 10 26 | | | | Z21190045 | 2.03 | 23 | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| +MACH05352 | | 1.90 | 30 | 4 11 | | | | | | | 0 0 0 0 | 0 | 0 | | | | | |
| MACH00630 | 1999 | 1.66 | 64 | 13 37 | MACH04630 | 10.94 | 79 | Z21111017 | 3.02 | 44 | 0 0 0 11 | 11 | 0 | ARQ/ARQ | | | | |

| SEMENTAL | AÑO ⁽¹⁾ | V.G. ⁽²⁾ x100 | FIB ⁽³⁾ x100 | NR ⁽⁴⁾ | NH ⁽⁵⁾ | TIPOS DE PARTO | | | | | NTP ⁽¹¹⁾ | NTC ⁽¹²⁾ | FERT. ⁽¹³⁾ x100 | PROL. x100 |
|------------|--------------------|-----------------------------|----------------------------|-------------------|-------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|-------------------|---------------------|---------------------|-------------------------------|---------------|
| | | | | | | S ⁽⁶⁾ | D ⁽⁷⁾ | T ⁽⁸⁾ | C ⁽⁹⁾ | Q ⁽¹⁰⁾ | | | | |
| MACH04455' | 1997 | 48.24 | 94 | 89 | 598 | 653 | 709 | 123 | 7 | 0 | 1492 | 2468 | 2.495 | 1.654 |
| MACH00619 | 1998 | 36.00 | 84 | 47 | 180 | 236 | 230 | 34 | 5 | 1 | 506 | 823 | 2.811 | 1.626 |
| MACH00382 | 2000 | 31.84 | 75 | 34 | 106 | 125 | 118 | 16 | 0 | 0 | 259 | 409 | 2.443 | 1.579 |
| MACH00200 | 1999 | 25.55 | 64 | 7 | 36 | 48 | 66 | 11 | 0 | 0 | 125 | 213 | 3.472 | 1.704 |
| MACH00199 | 1999 | 22.69 | 62 | 21 | 47 | 58 | 42 | 8 | 1 | 0 | 109 | 170 | 2.319 | 1.560 |
| MACH00802 | 2001 | 19.30 | 35 | 5 | 6 | 8 | 0 | 0 | 0 | 0 | 8 | 8 | 1.333 | 1.000 |



| | | | | |
|-------|-----|-----|------|----|
| 653 | 709 | 123 | 7 | 0 |
| 43,5% | 48% | 8% | 0,5% | 0% |

CATALOGO DE SEMENTALES

(ORDENADO POR VALOR GENETICO)

FECHA DEL DOCUMENTO 27/ 3/2006

| SEMENTAL | AÑO ⁽¹⁾ | V.G. ⁽²⁾ x100 | FIB ⁽³⁾ x100 | NR ⁽⁴⁾ NH ⁽⁵⁾ | PADRE | V.G. x100 | FIB x100 | MADRE | V. | (7) G.PrP ⁽⁸⁾ |
|------------|--------------------|-----------------------------|----------------------------|-------------------------------------|-----------|--------------|-------------|-----------|-------|---------------------------------|
| MACH04455 | 1997 | 52.61 | 90 | 76 394 | | | | 220603188 | 41 | ARQ/ARQ |
| MACH00619 | 1998 | 35.38 | 77 | 28 101 | MACH04456 | -2.33 | 87 | Z09890725 | 27 | ARQ/ARQ |
| +MACH04583 | 1997 | 27.78 | 50 | 8 18 | | | | 220643412 | 24 | |
| MACH00382 | 2000 | 22.03 | 68 | 33 93 | MACH07017 | -3.52 | 59 | 220205268 | 26 | ARQ/ARQ |
| MACH00200 | 1999 | 17.10 | 57 | 7 35 | MACH05079 | -4.68 | 80 | Z09894847 | 16 | ARR/ARQ |
| +MACH00629 | 1997 | 14.50 | 61 | 6 19 | | | | Z09894847 | 16 | |
| MACH00199 | 1999 | 13.41 | 55 | 18 35 | MACH05079 | -4.68 | 80 | Z09894847 | 16 | ARQ/ARQ |
| +MACH00586 | 1998 | 12.87 | 59 | 11 28 | MACH04630 | 10.94 | 79 | H10092721 | 10 | |
| MACH00577 | 1998 | 12.41 | 70 | 31 85 | MACH04455 | 52.61 | 90 | H10092078 | -0.77 | 34 0 105 185 137 427 60 ARQ/ARQ |



Análisis de contrastes entre los padres con prolificidad mayor o igual a 1.5, y todo el resto de padres mediante el procedimiento GLM.

| Fuente | GL | Tipo III SS | Mean Square | F Value | Pr > F |
|--------|----|-------------|-------------|---------|--------|
| REB | 55 | 15.546 | 0.282 | 2.99 | 0.0001 |
| PADRE | 68 | 25.841 | 0.380 | 4.02 | 0.0001 |
| LPPUM | 1 | 0.856 | 0.856 | 9.06 | 0.0027 |

| Contraste | GL | Contr SS | Mean Square | F Value | Pr > F |
|------------|----|----------|-------------|---------|--------|
| Macho 619 | 1 | 2.544 | 2.544 | 26.93 | 0.0001 |
| Macho 4455 | 1 | 14.177 | 14.177 | 150.02 | 0.0001 |
| Macho 382 | 1 | 0.827 | 0.827 | 8.76 | 0.0031 |

Existencia de un Factor Genético?

Posible existencia de un gen mayor segregando en algunas familias:

- **3 machos significativamente asociados a una prolificidad superior a la media de la población → 0.5 corderos por encima de la media:**

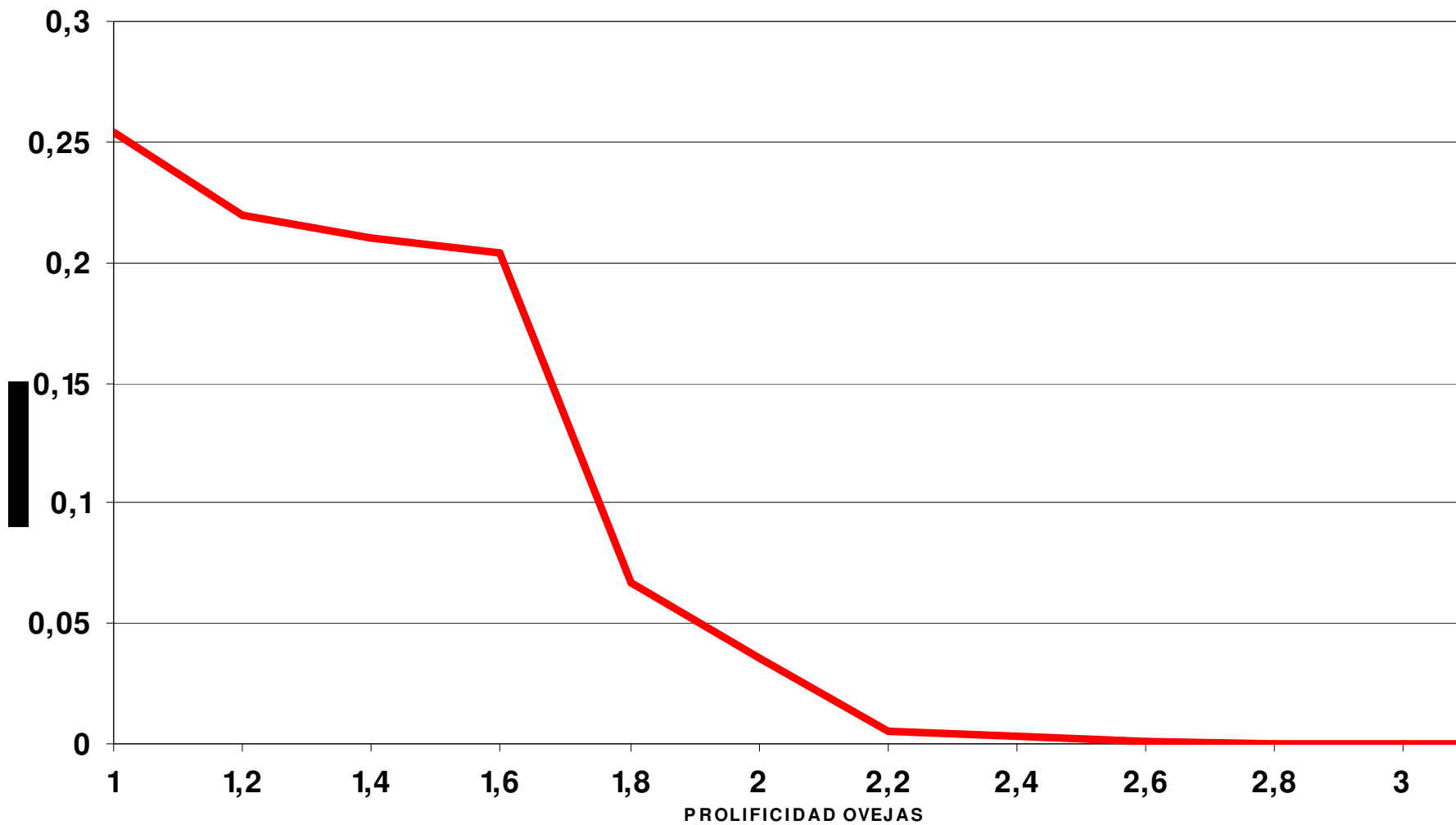
MACH00619

MACH04455

MACH00382

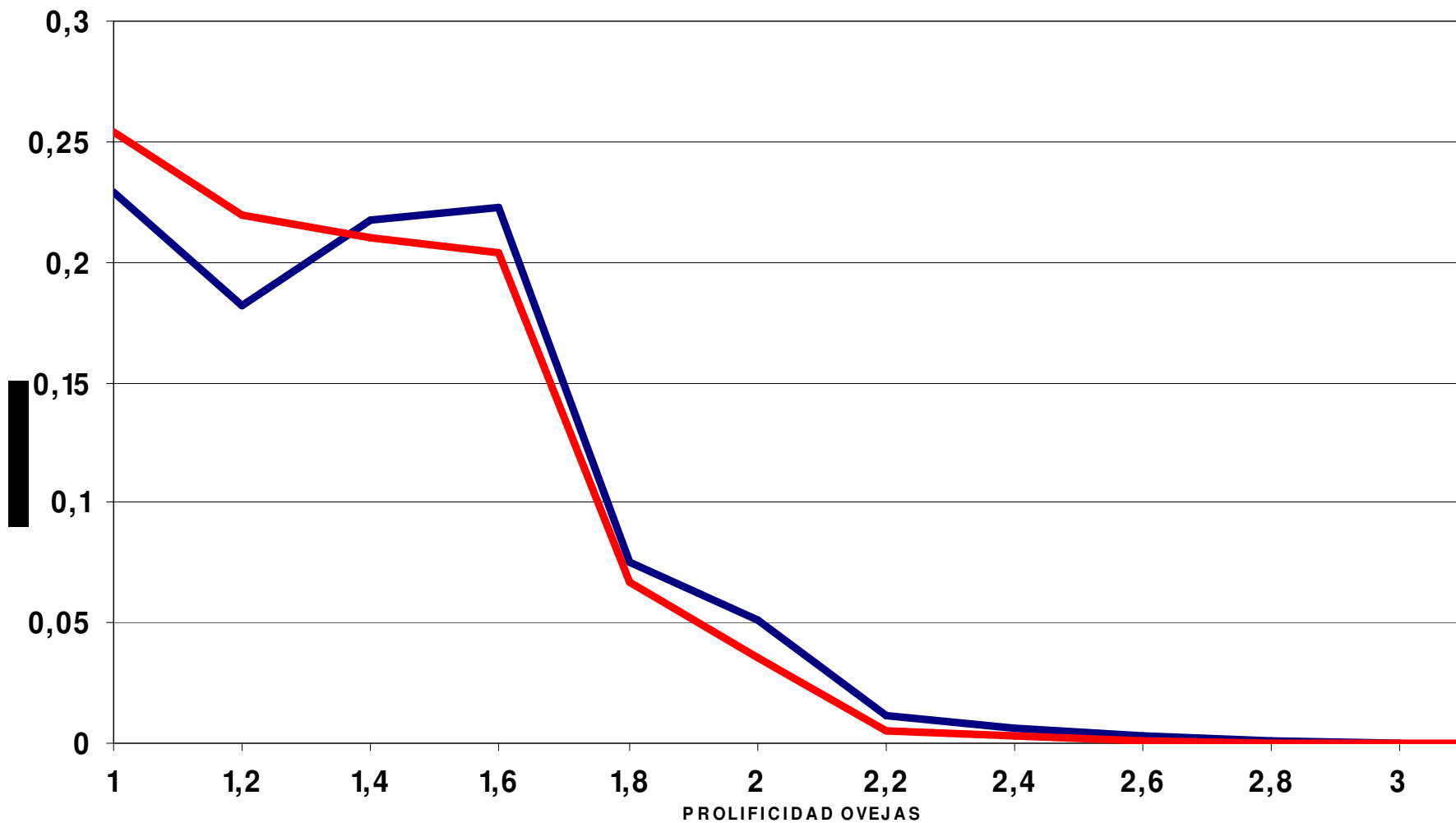
- **Altos valores genéticos de estos machos**

PROLIFICIDAD MEDIA DE OVEJAS CON TRES PARTOS Y MAS



TODAS LAS OVEJAS DE LA POBLACION (104375)

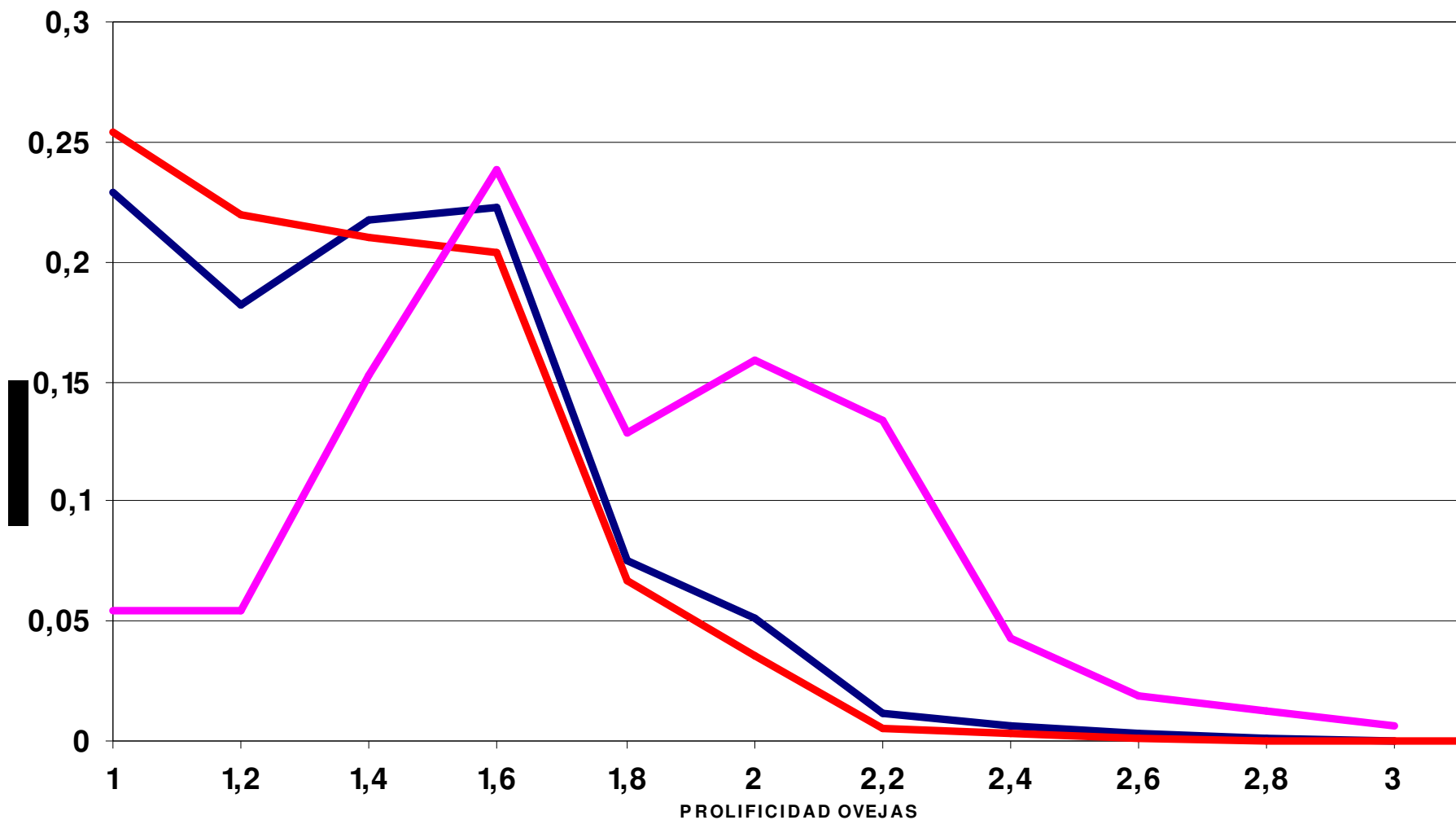
PROLIFICIDAD MEDIA DE OVEJAS CON TRES PARTOS Y MAS



— OVEJAS CON PADRE CONOCIDO(2662)

— TODAS LAS OVEJAS DE LA POBLACION(104375)

PROLIFICIDAD MEDIA DE OVEJAS CON TRES PARTOS Y MAS

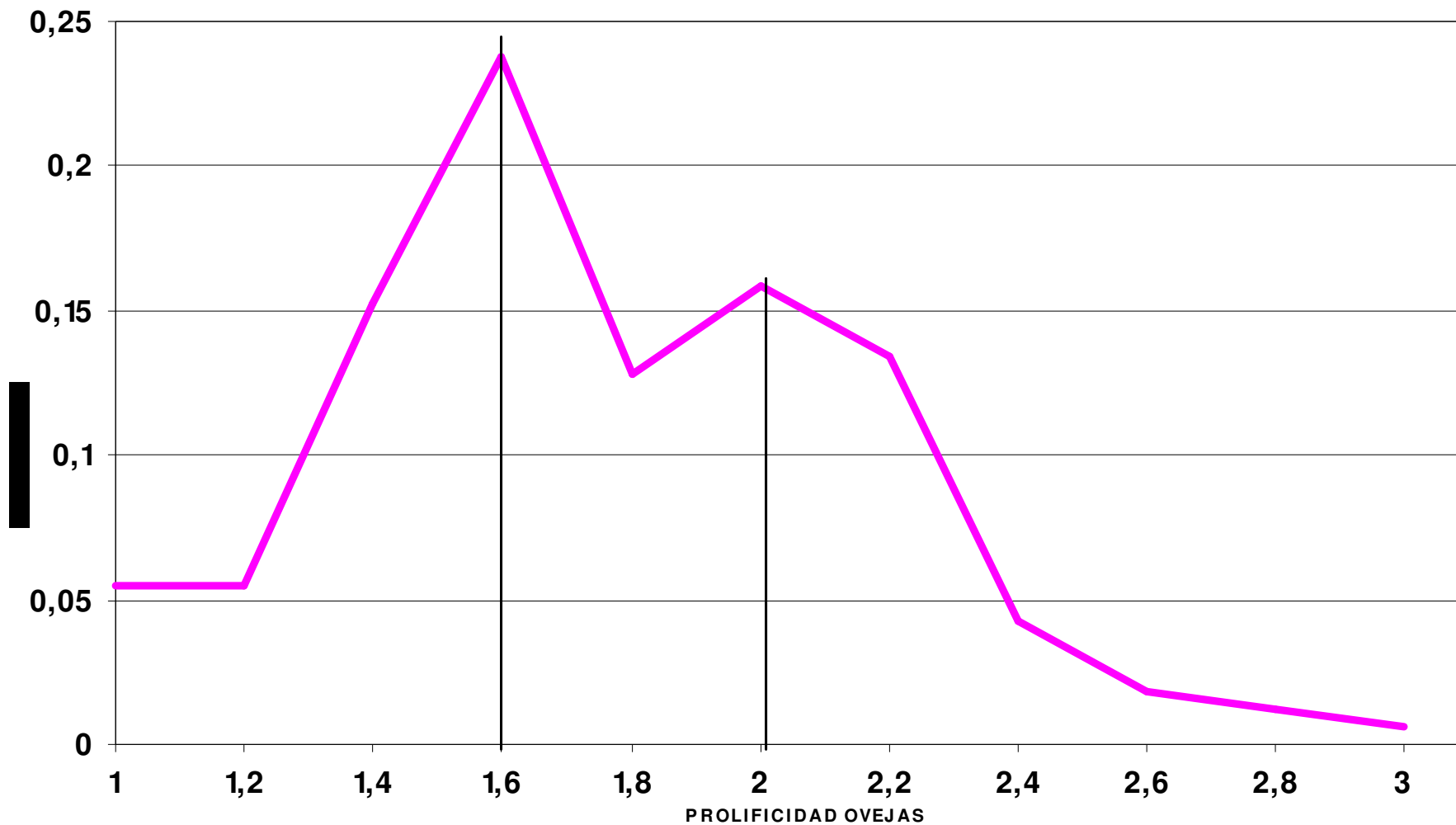


OVEJAS CON PADRE CONOCIDO(2662)

TODAS LAS OVEJAS DE LA POBLACION(104375)

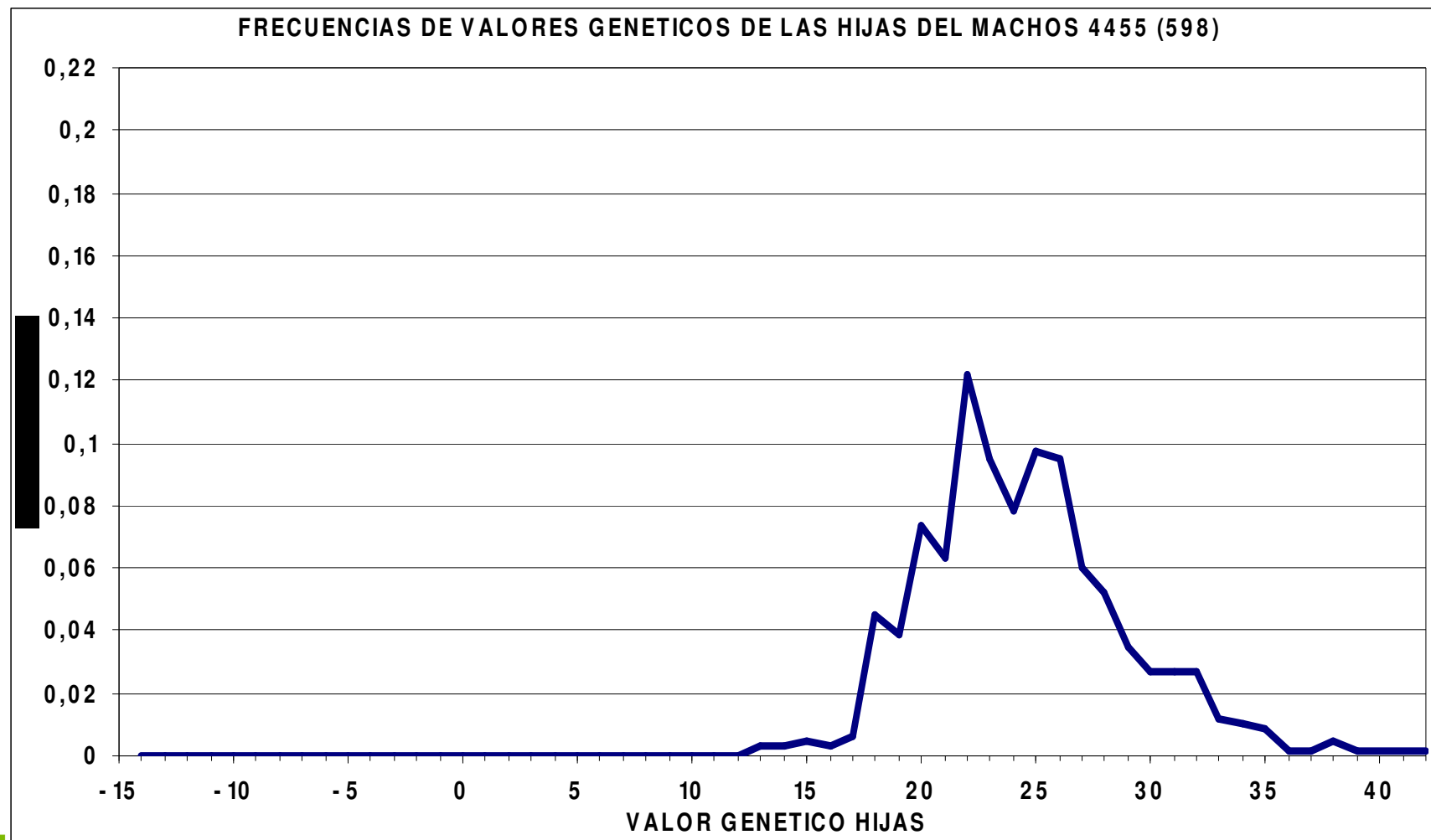
HIJAS MACHOS 4455 Y 0619 (164)

PROLIFICIDAD MEDIA DE OVEJAS CON TRES PARTOS Y MAS



HIJAS MACHOS 4455 Y 0619 (164)

Distribución de VGEs de las hijas del macho mejorante 4455



Indicios de la existencia de un gen mayor

Secuenciamos los genes candidatos BMP15, GDF9 y Booroola



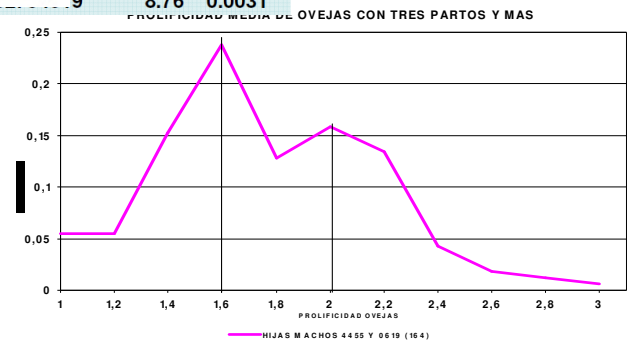
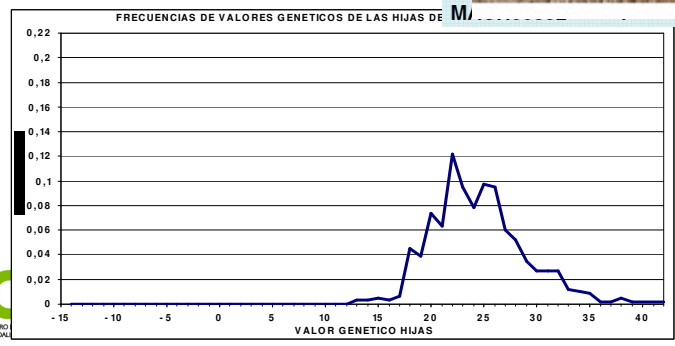
| SEMENTAL | AÑO ⁽¹⁾ | V.G. ⁽²⁾ x100 | FIB ⁽³⁾ x100 | NR ⁽⁴⁾ | NH ⁽⁵⁾ | S ⁽⁶⁾ | D | Q | ERT. x100 | EROL. (14) |
|----------|--------------------|-----------------------------|----------------------------|-------------------|-------------------|------------------|------|---|-----------|------------|
| 598 | 653 | 709 | 123 | 7 | 0 | 1492 | 2468 | | 2.495 | 1.654 |
| 180 | 236 | 230 | 34 | 5 | 1 | 506 | 823 | | 2.811 | 1.626 |
| 106 | 125 | 118 | 16 | 0 | 0 | 259 | 409 | | 2.443 | 1.579 |
| 36 | 48 | 66 | 11 | 0 | 0 | 125 | 213 | | 3.472 | 1.704 |
| 47 | 58 | 42 | 8 | 1 | 0 | 109 | 170 | | 2.319 | 1.560 |
| 6 | 8 | 0 | 0 | 0 | 0 | 8 | 8 | | 1.333 | 1.000 |



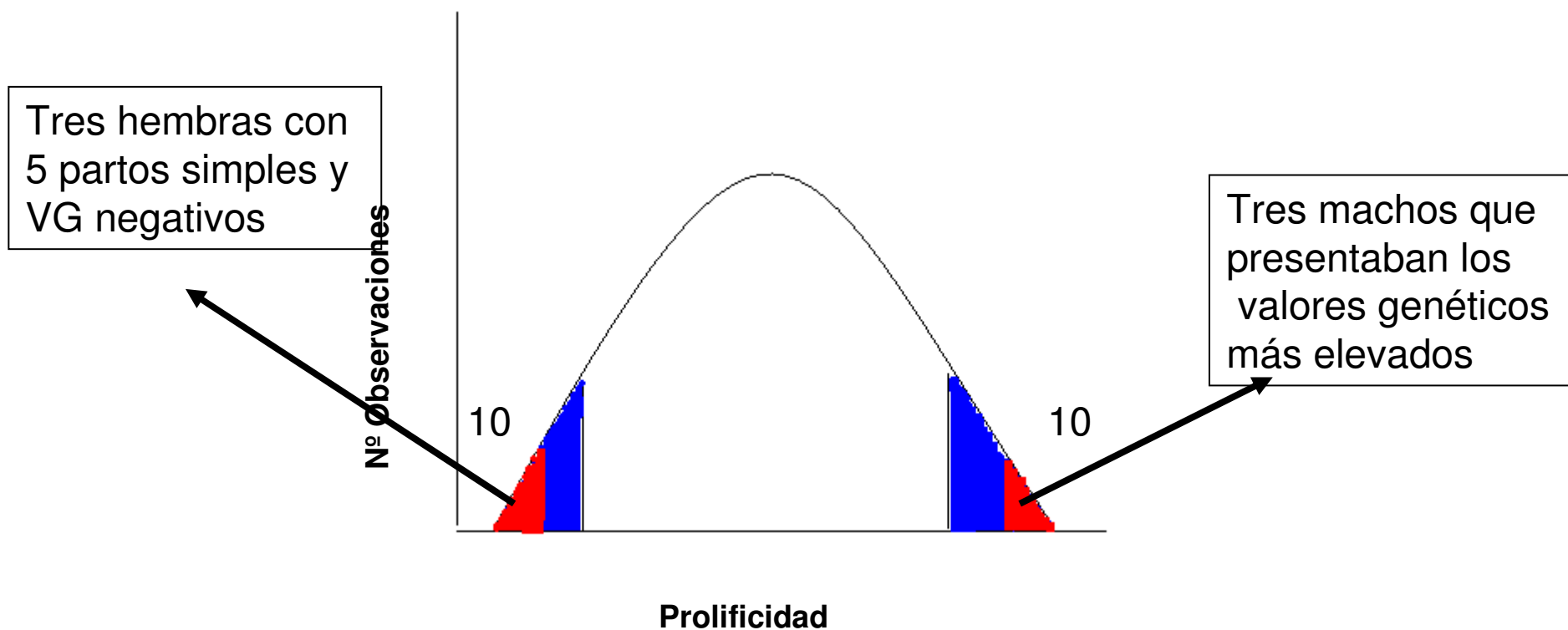
amiento GLIM.

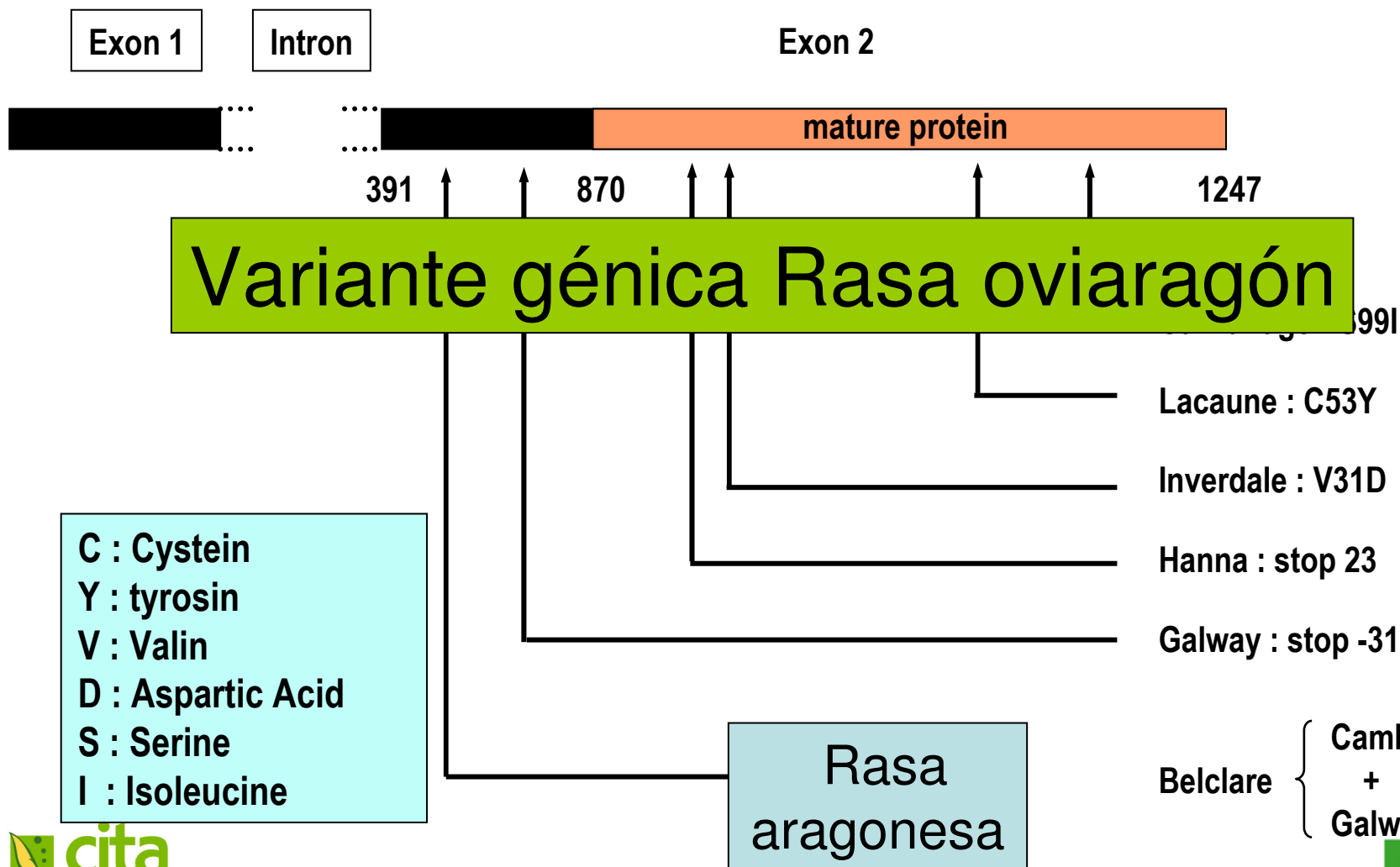
| F Value | Pr > F |
|---------|--------|
| 2.99 | 0.0001 |
| 4.02 | 0.0001 |
| 9.06 | 0.0027 |

| quare F Value | Pr > F |
|---------------|---------------|
| 94 | 26.93 0.0001 |
| 349 | 150.02 0.0001 |
| 9 | 8.76 0.0031 |



Metodología





Resultados

```
Wild allele      ATGGTCCTCCTGAGCATCCTTAGAATCCTTCTTTGGGGACTGGTGCTTTTTATGGAACAT 60
Rasa allele     ATGGTCCTCCTGAGCATCCTTAGAATCCTTCTTTGGGGACTGGTGCTTTTTATGGAACAT 60
*****

Wild allele     AGGGTCCAAATGACACAGGTAGGGCAGCCCTCTATTGCCACCTGCCTGAGGCCCTACC 120
Rasa allele     AGGGTCCAAATGACACAGGTAGGGCAGCCCTCTATTGCCACCTGCCTGAGGCCCTACC 120
*****

Wild allele     TTGCCCTGATTGAGGAGCTGCTAGAAGAAGCCCCTGGCAAGCAGCAGAGGAAGCCGCGG 180
Rasa allele     TTGCCCTGATTGAGGAGCTGCTAGAAGAAGCCCCTGGCAAGCAGCAGAGGAAGCCGCGG 180
*****

Wild allele     GTCTTAGGGCATCCCTTACGGTATATGCTGGAGCTGTACCAGCGTTCAGCTGACGCAAGT 240
Rasa allele     GTCTTAGGGCATCCCTTACGGTATATGCTGGAGCTGTACCAGCGTTCAGCTGACGCAAGT 240
*****

Wild allele     GGACACCCTAGGGAAAACCGCACCATTTGGGGCCACCATGGTGAGGCTGGTGAGGCCGCTG 300
Rasa allele     GGACACCCTAGGGAAAACCGCACCATTTGGGGCCACCATGGTGAGGCTGGTGAGGCCGCTG 300
*****

Wild allele     GCTAGTGTAGCAAGGCCTCTCAGAGGCTCCTGGCACATACAGACCCTGGACTTTCCTCTG 360
Rasa allele     GCTAGTGTAGCAAGGCCTCTCAGAGGCTCCTGGCACATACAGACCCTGGACTTTCCTCTG 360
*****

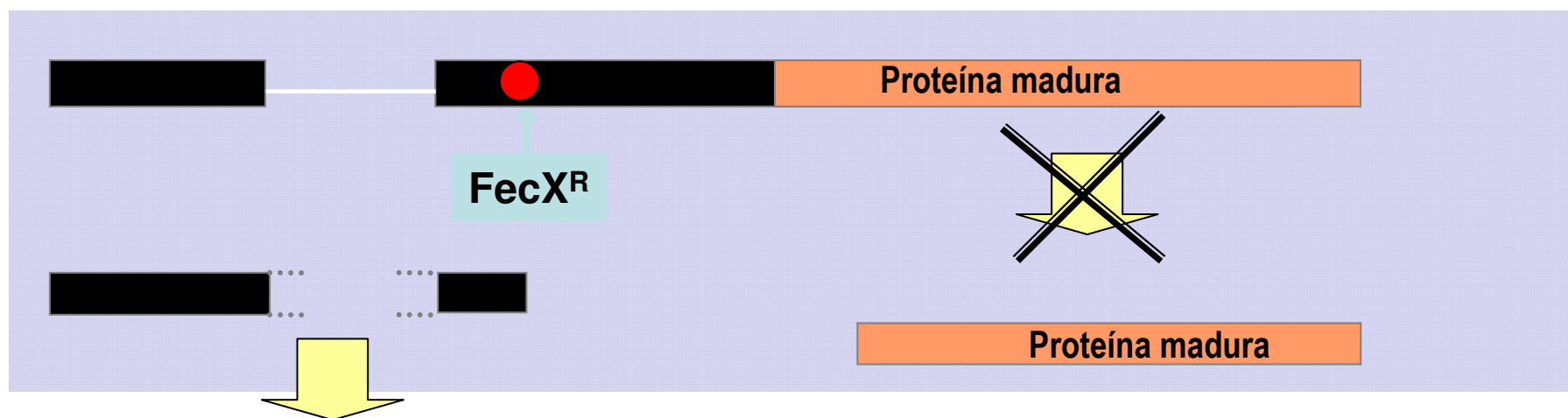
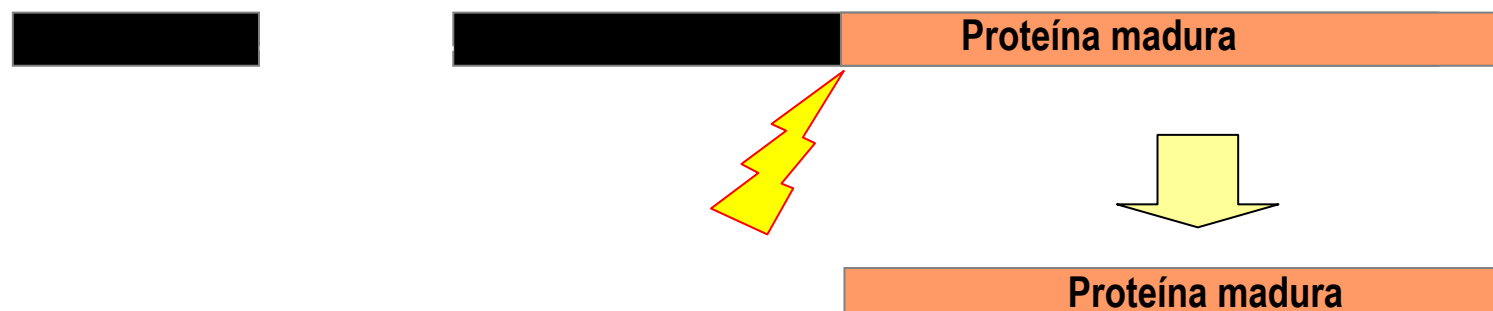
Wild allele     AGACCAAACCGGGTAGCATAACCAACTAGTCAGAGCCACTGTGGTTTACCGCCATCAGCTT 420
Rasa allele     AGACCAAACCGGGTAGCATAACCAACTAGTCAGAGCCACTGTGGTTTACCGCCATCAGCTT 420
*****

Wild allele     CACCTAACTCATTCCCACCTCTCCTGCCATGTGGAGCCC TGGGTCCAGAAAAGCCC AACC 480
Rasa allele     CACCTAACTCATTCCCACCTCTCCTGCCATGTGGAGCCC -----AACC 463
*****
```

Resultados

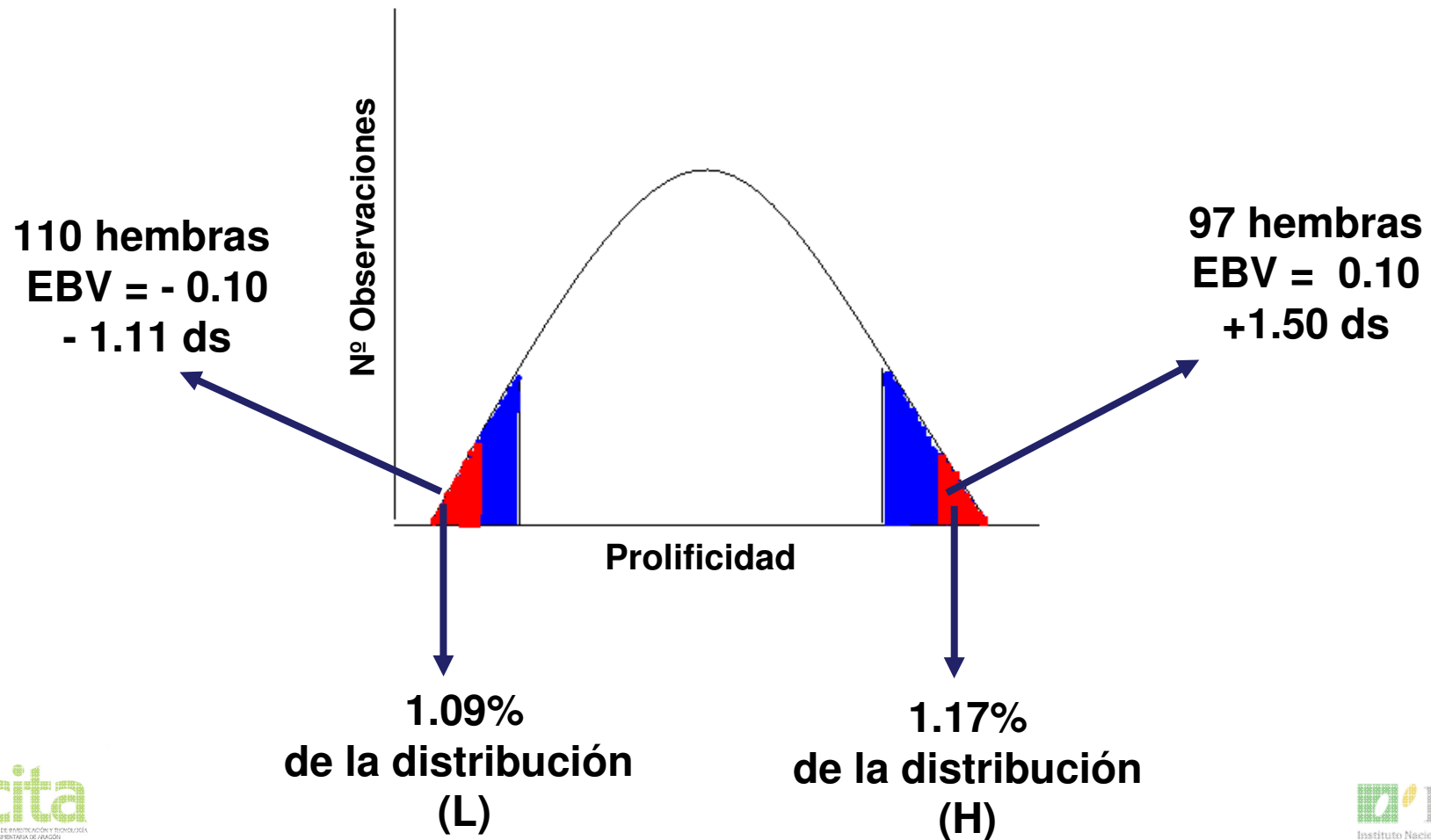
| | | |
|--------------------------|---|-----|
| <i>FecX</i> ⁺ | MVLLSILRILLWGLVLFMEHRVQMTQVGQPSIAHLPEAPTLPLIQELLEEEAPGKQQRKPR | 60 |
| <i>FecX</i> ^R | MVLLSILRILLWGLVLFMEHRVQMTQVGQPSIAHLPEAPTLPLIQELLEEEAPGKQQRKPR | 60 |
| | ***** | |
| <i>FecX</i> ⁺ | VLGHPLRYMLELYQRSADASGHPRENRTIGATMVRLVLRPLASVARPLRGSWHIQTLDFFPL | 120 |
| <i>FecX</i> ^R | VLGHPLRYMLELYQRSADASGHPRENRTIGATMVRLVLRPLASVARPLRGSWHIQTLDFFPL | 120 |
| | ***** | |
| | <i>FecX</i> ^R | |
| <i>FecX</i> ⁺ | RPNRVAYQLVRATVVYRHLHLTHSHLSCHVE[PWVQKS]PTNHFPSSGRGSSKPSLLPKTW | 180 |
| <i>FecX</i> ^R | RPNRVAYQLVRATVVYRHLHLTHSHLSCHVE[-----]PNQSLSFFRKRLKAFPVAQNL | 174 |
| | ***** *.: :. : *. :.. | |
| | <i>FecX</i> ^G | |
| <i>FecX</i> ⁺ | TEMDIMEHVGQKLWNHKGRRVLRRLRFVCQQPRGSEVLEFWWHGTSSLDTVFLLLYFND[T]Q | 240 |
| <i>FecX</i> ^R | DRDGYHGTCWAKALESQGAQGSTTPLRVSAKR[*] | |
| | . . * : :* : : . . : | |
| | <i>FecX</i> ^H <i>FecX</i> ^I | |
| <i>FecX</i> ⁺ | SVQKTKPLPKGLKEFTEKDPSLLLRARQAGSIASEVPGPSREHDGPESN[Q]CSLHFFQ[V]S | 300 |
| | <i>FecX</i> ^L | |
| <i>FecX</i> ⁺ | FQQLGWDHWIIAPHLYTPNY[C]KGVCPRVLHYGLNSPNHAIQNLVSELVDQNVPQPSVPE | 360 |
| | <i>FecX</i> ^B | |
| <i>FecX</i> ⁺ | YKYVPISILLIEANG[S]ILYKEYEGMIAQSCTCR | 393 |

Nueva variante génica **FecX^R** del gen **BMP15**



Estudios de asociación en ovino

207 ♀
Núcleo Selección



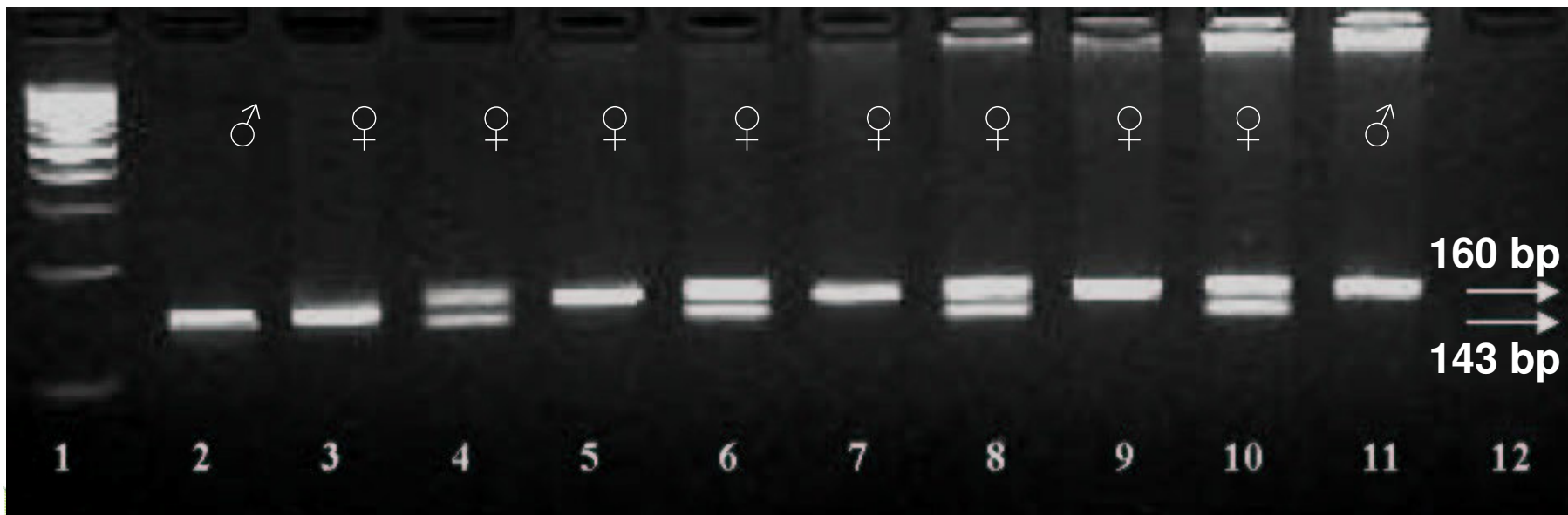
Estudios de asociación en ovino

```

W-T      CTCTGAGACCAAACCGGGTAGCATAACCAACTAGTCAGAGCCACTGTGGTTTACCGCCATCAGCTTCACCTAACTCATTCC 80
FecXR   CTCTGAGACCAAACCGGGTAGCATAACCAACTAGTCAGAGCCACTGTGGTTTACCGCCATCAGCTTCACCTAACTCATTCC 80
          *****

W-T      CACCTCTCCTGCCATGTGGAGCCCTGGGGTCCAGAAAAGCCCAACCAATCACTTTCCTTCTTCAGGAAGAGGCTCCTCAAA 160
FecXR   CACCTCTCCTGCCATGTGGAGCCC-----AACCAATCACTTTCCTTCTTCAGGAAGAGGCTCCTCAAA 143
          *****
    
```

Genotipado en Gel de Agarosa del Alelo FecX^R



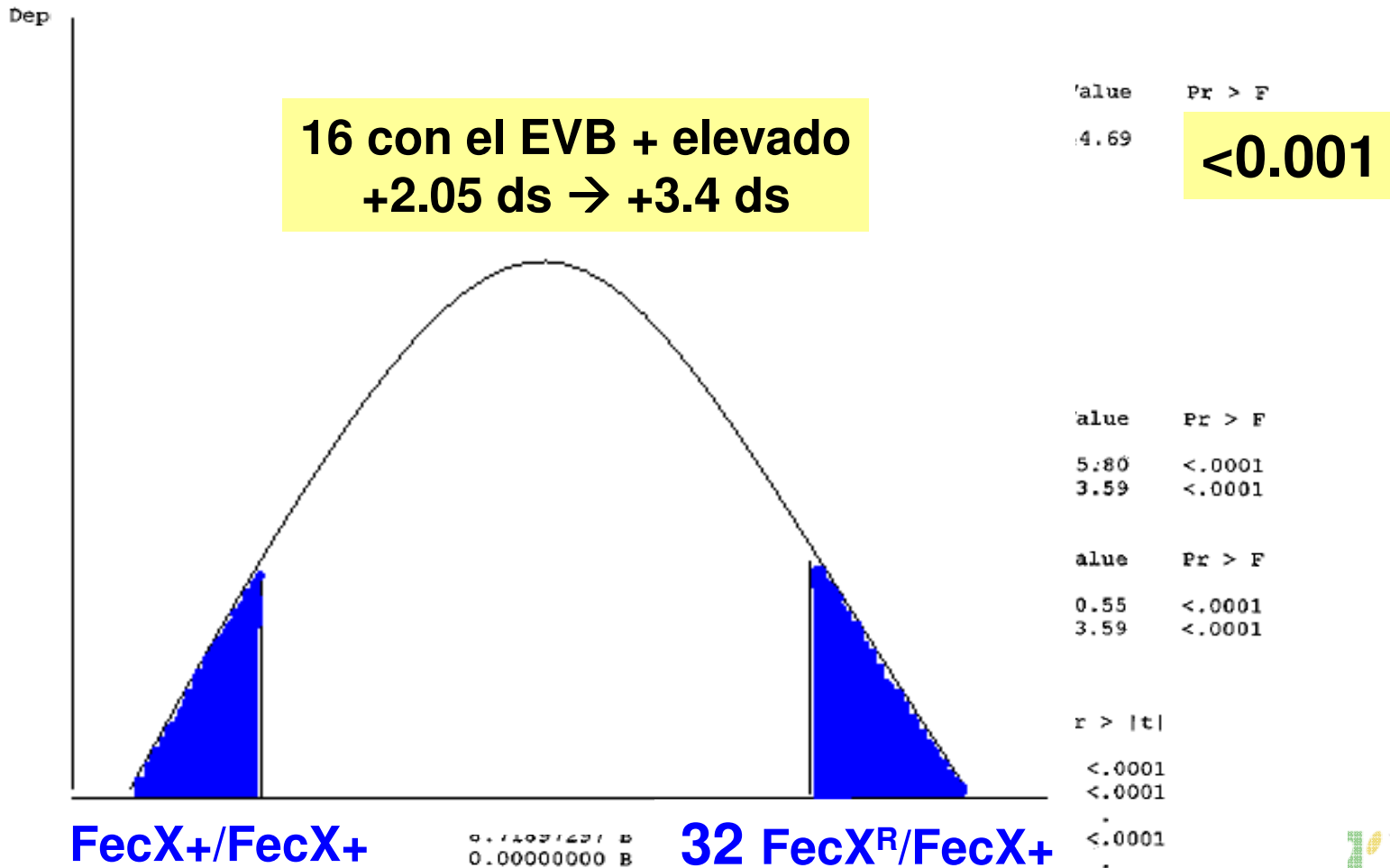
Estudios de asociación en ovino

5, 2007 32

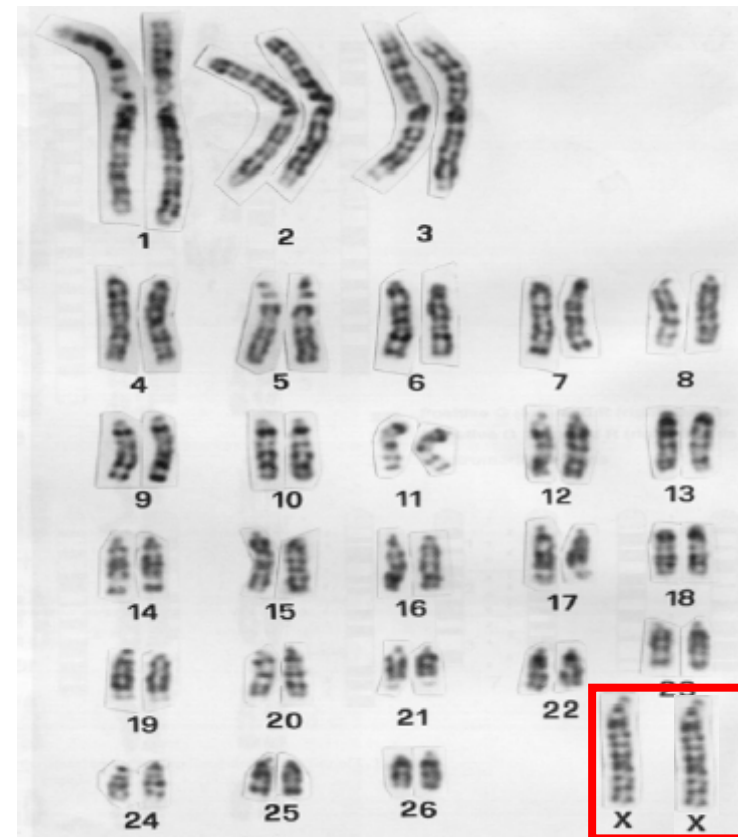
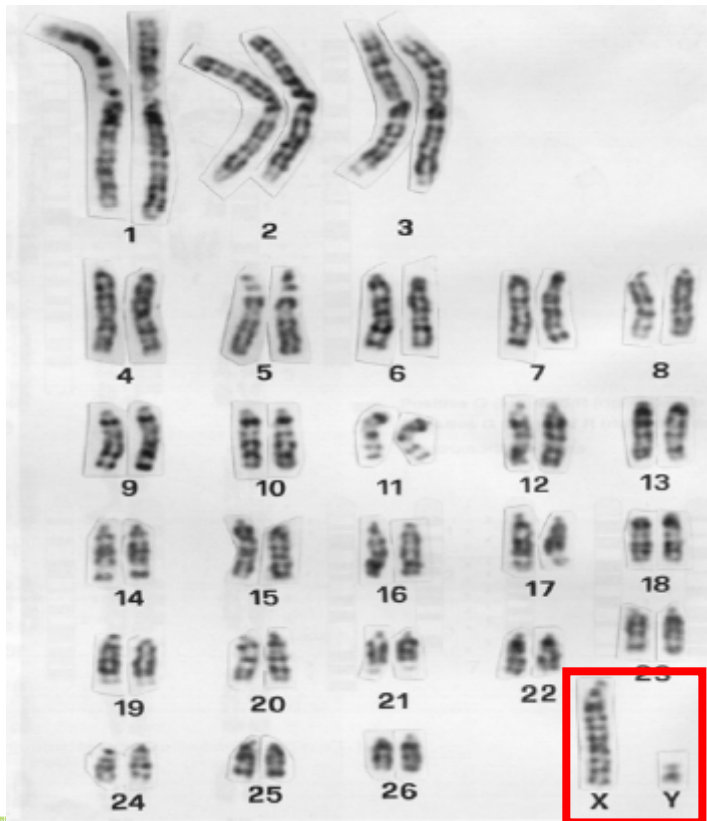
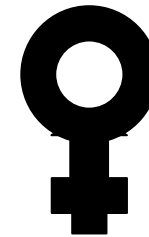
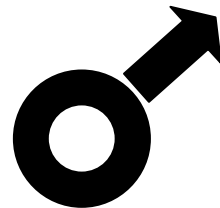
Gen Raso

11:12 Wednesday, September

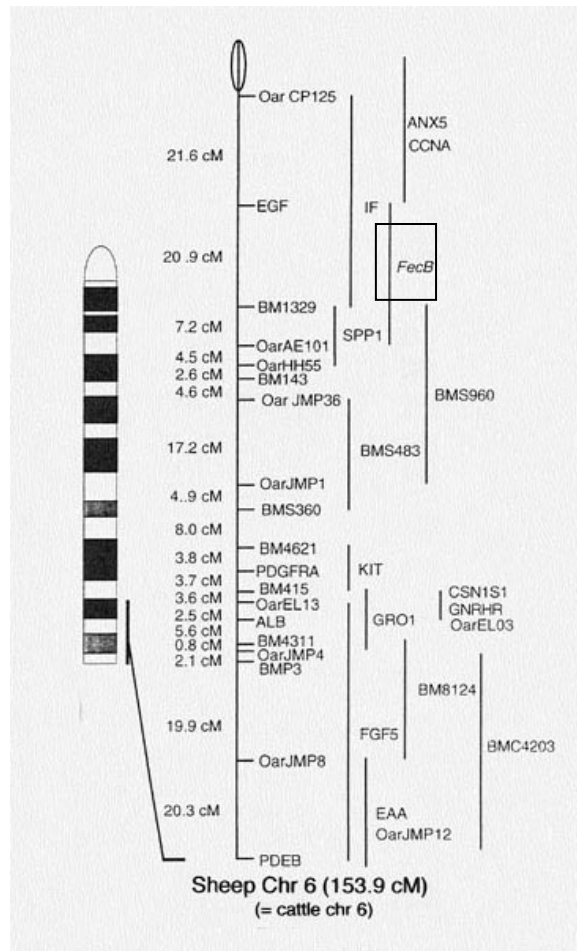
The GLM Procedure



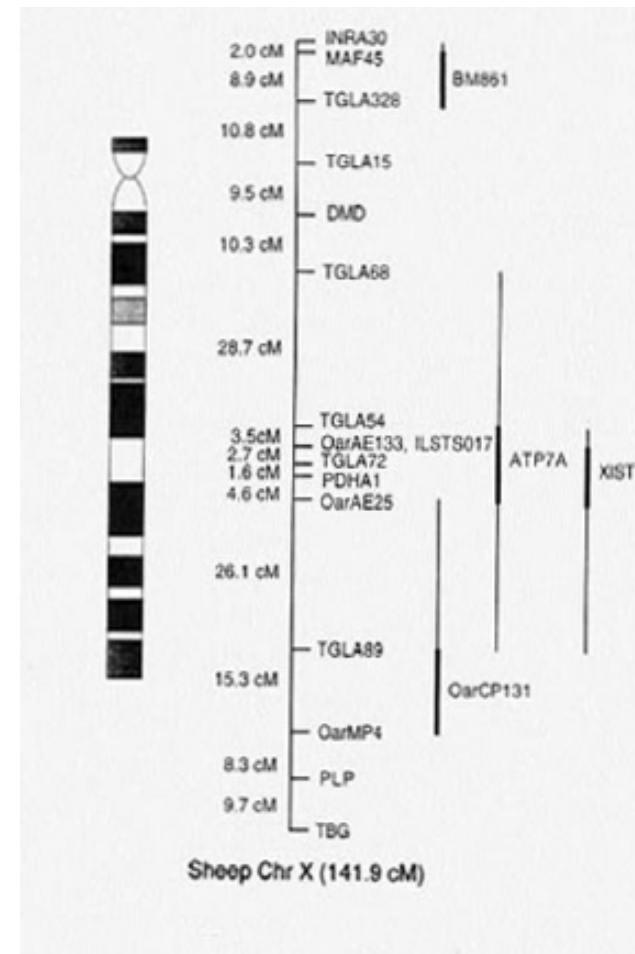
Modo de herencia



Genes autosómicos



Genes ligados al cromosoma X

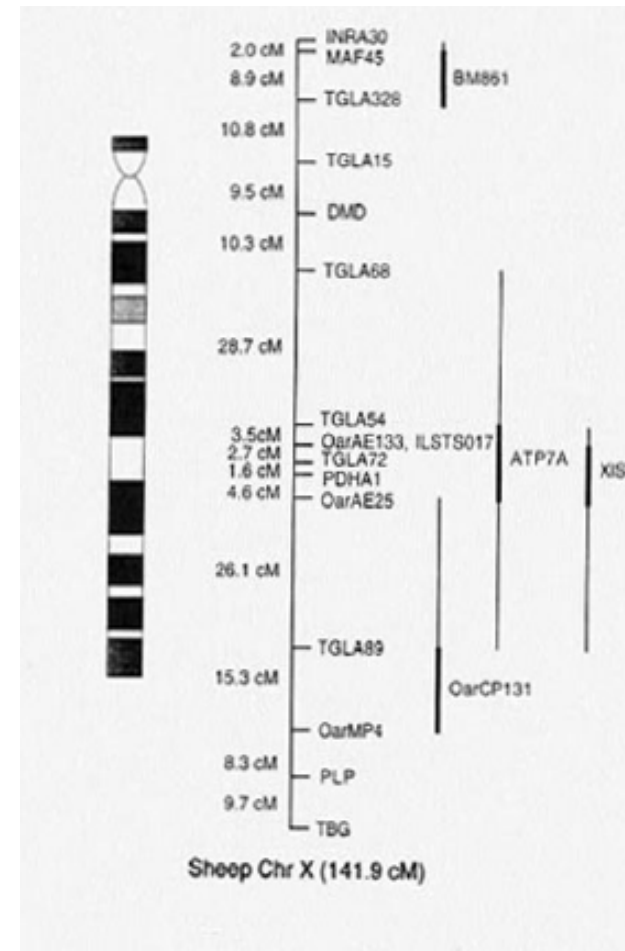


Genes autosómicos

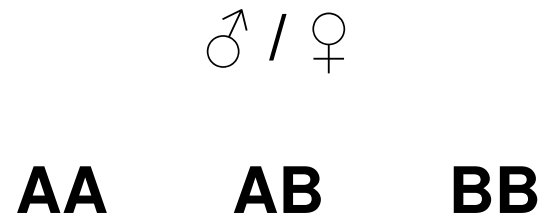
Genes ligados al cromosoma X

♂ / ♀

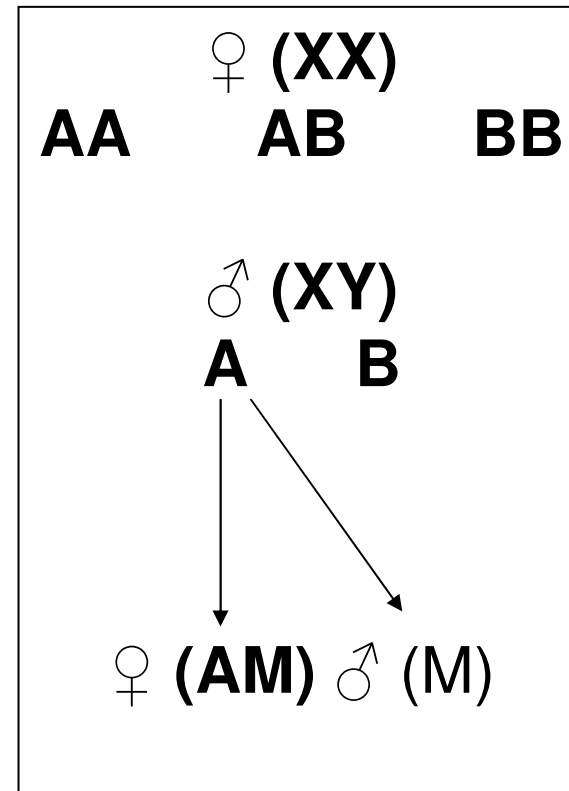
AA **AB** **BB**



Genes autosómicos

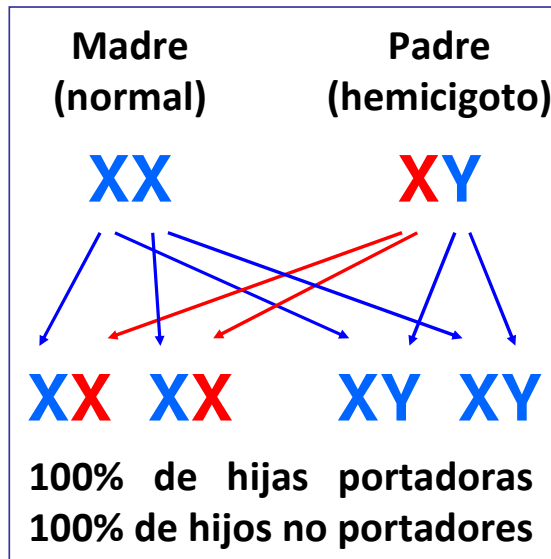


Genes ligados al cromosoma X

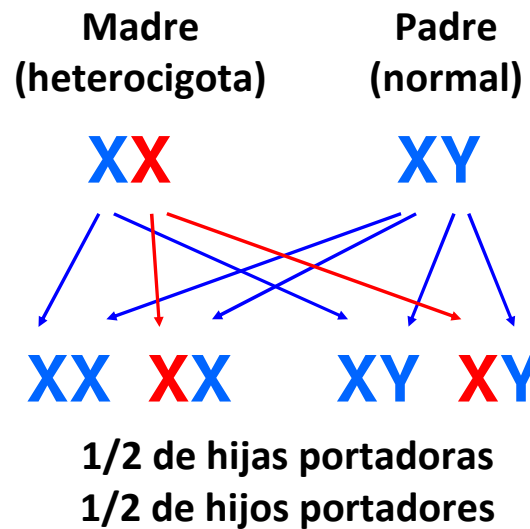


Genes ligados al cromosoma X

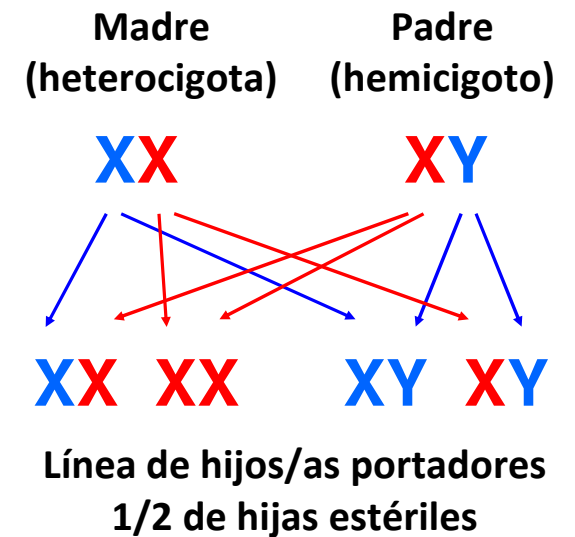
c1)



c2)

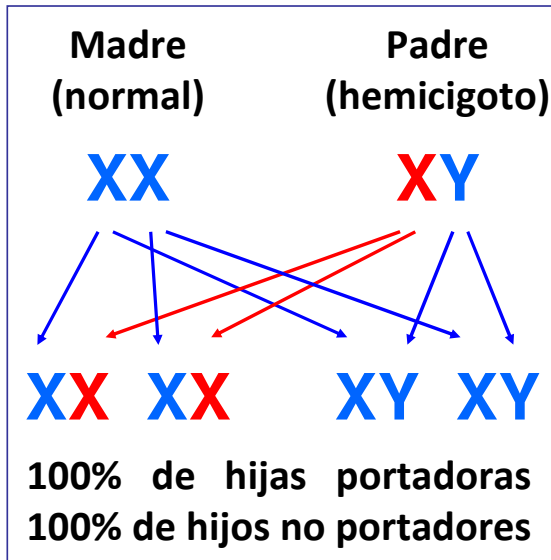


c3)

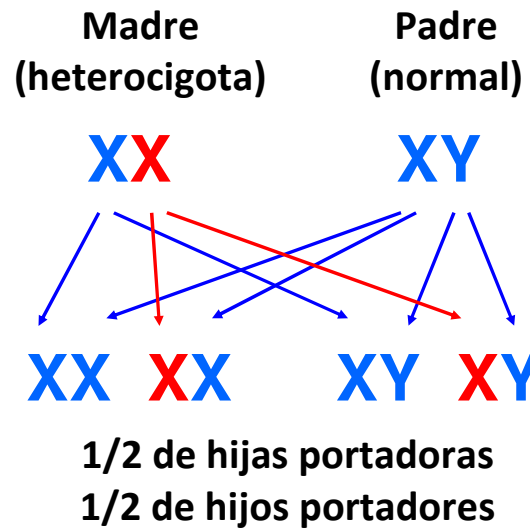


Genes ligados al cromosoma X

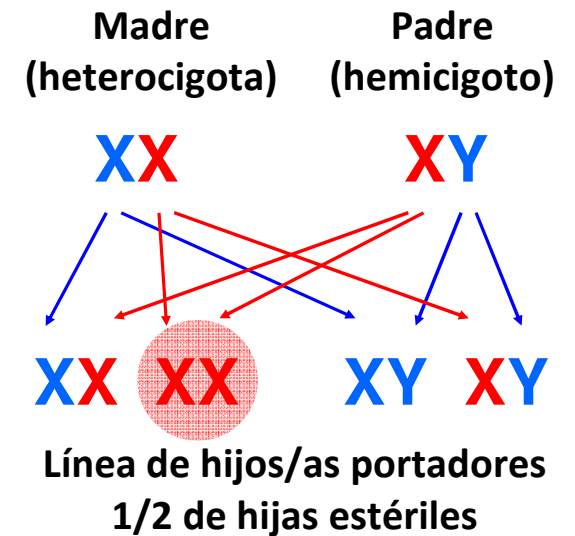
c1)



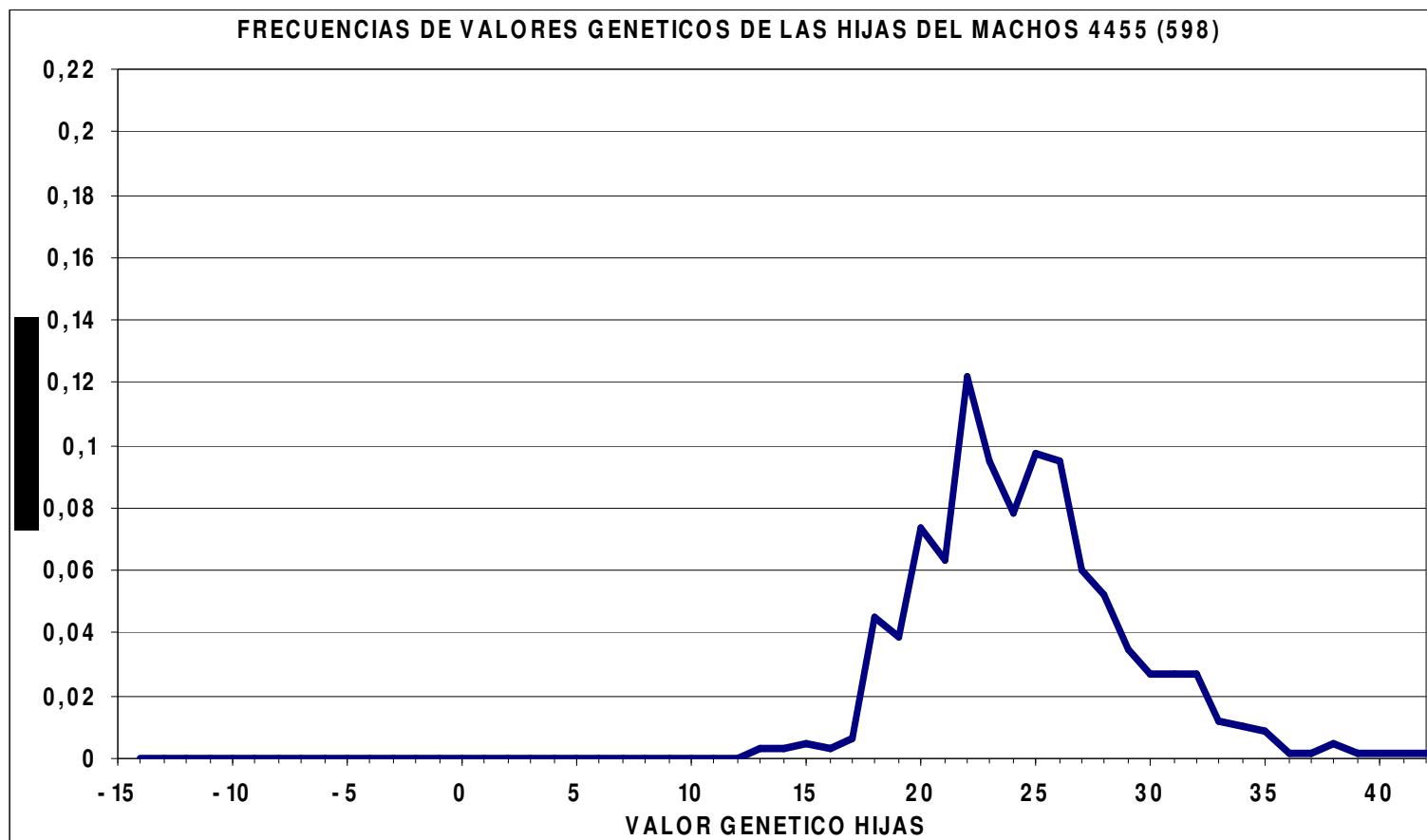
c2)



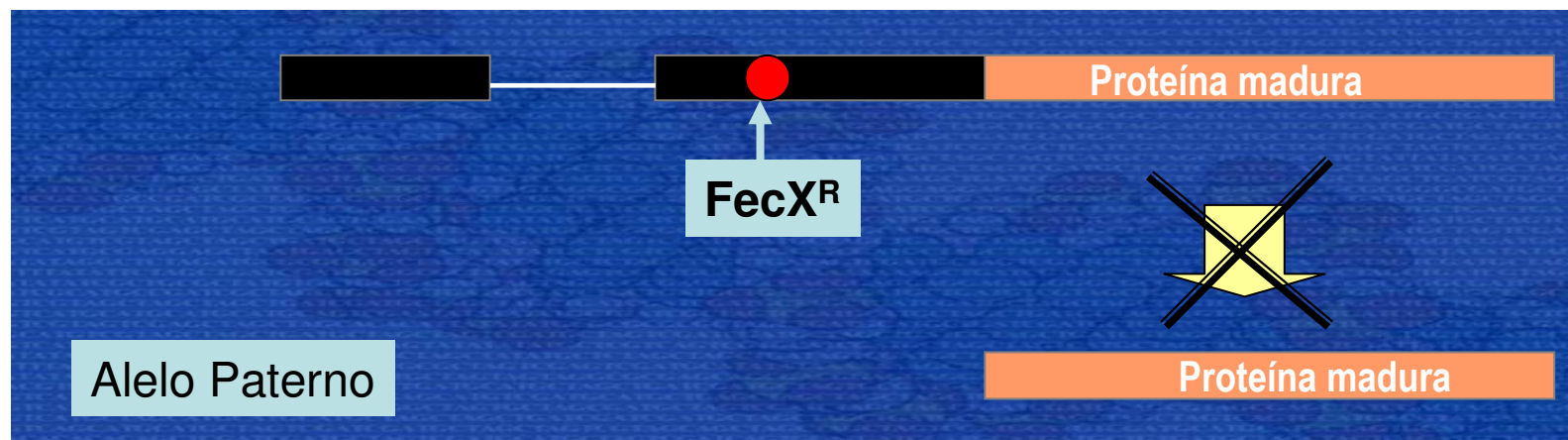
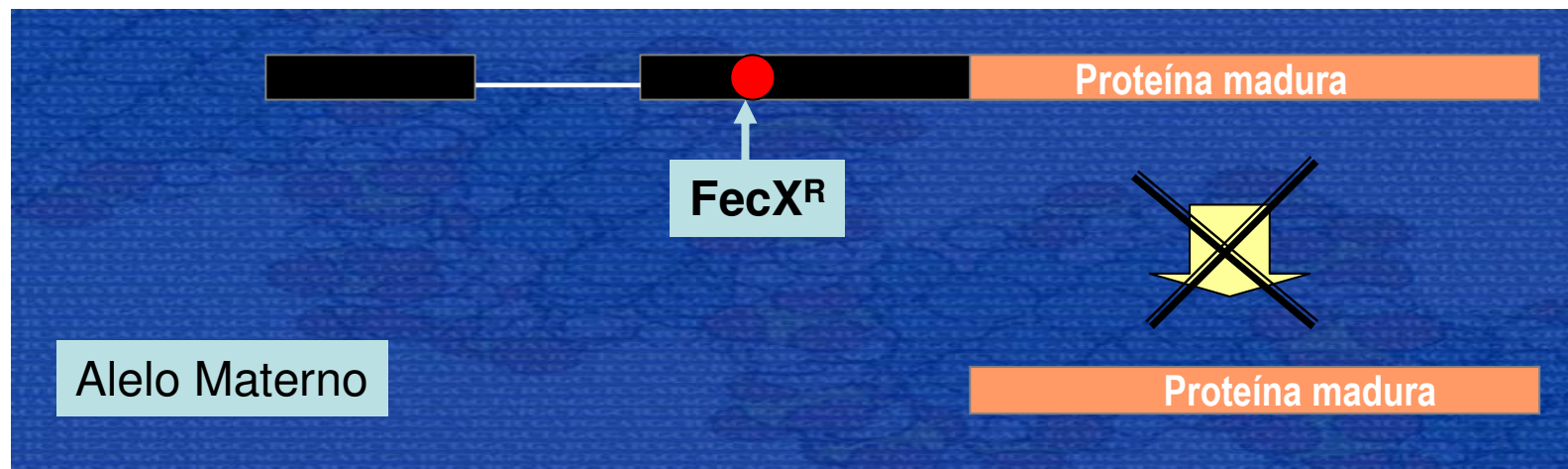
c3)



Distribución de los valores genéticos de las hijas de los machos mejorantes



Características fenotípicas: Esterilidad



Características fenotípicas: Esterilidad

Programa MOET

42 ♂



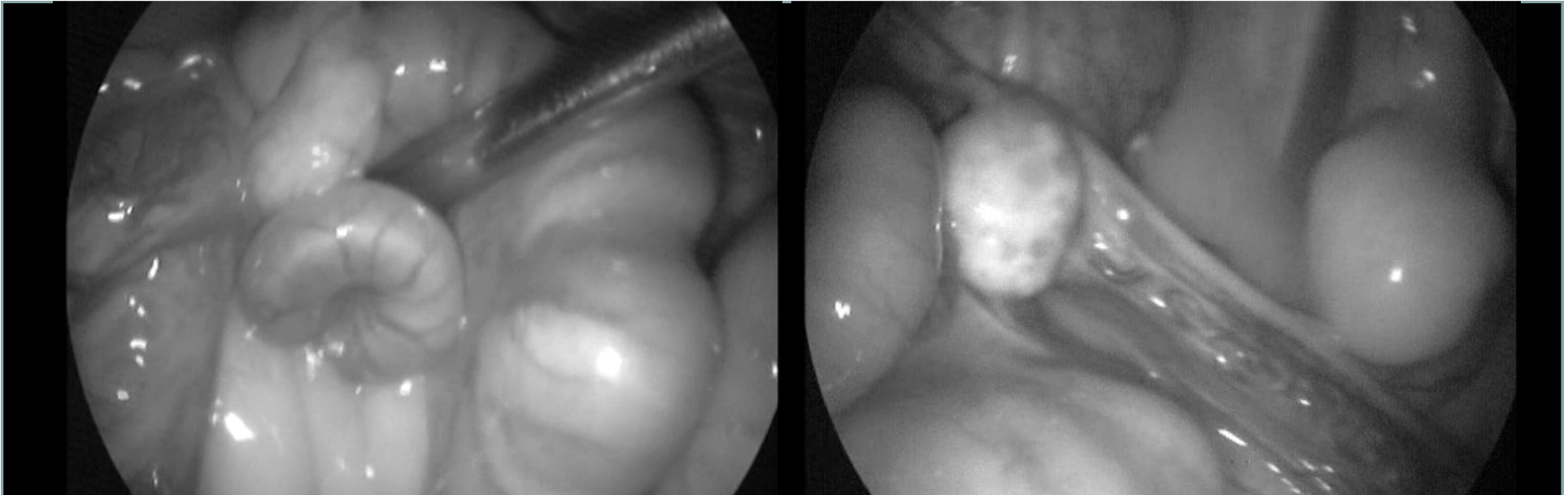
8 $FecX^R$
 $FecX^R = 0.21$



♀ 39

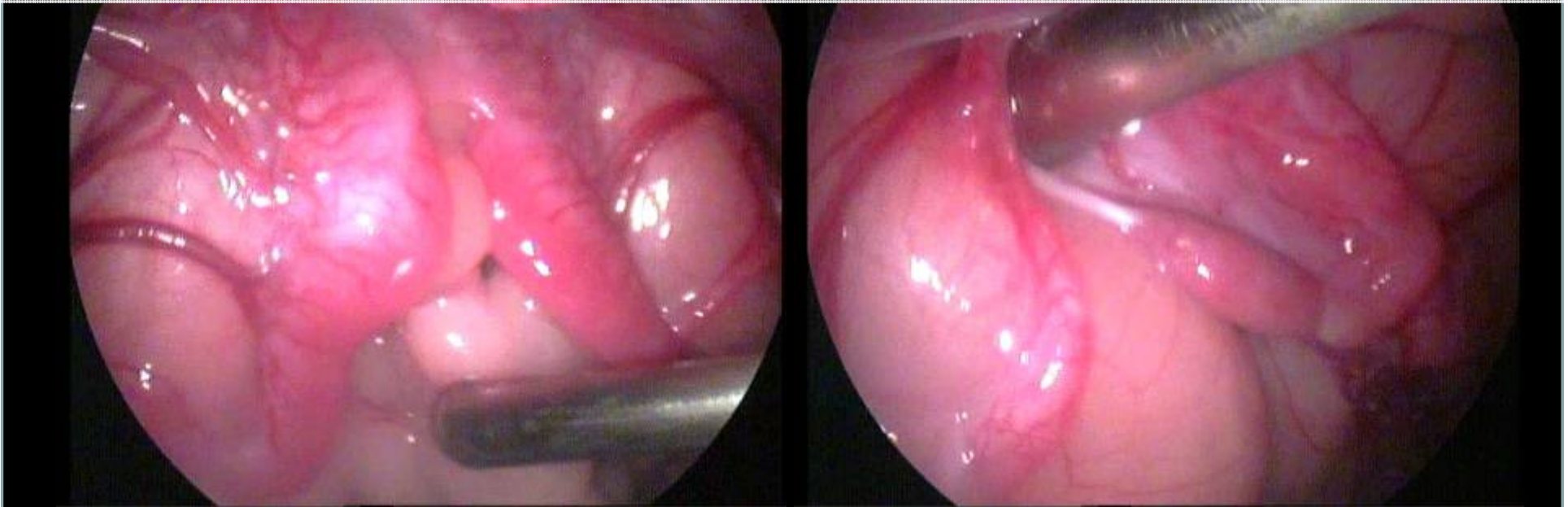


4 $FecX^R/FecX^R$
 $FecX^R = 0.64$



FecX^R/ FecX⁺

FecX^R/ FecX^R



Características fenotípicas: Efecto del alelo $FecX^R$ sobre la Prolificidad

Incremento de la prolificidad en las ovejas del 0.32 corderos por parto debido a un aumento de partos dobles.

♀ (XX)

(X⁺X⁺)

(X⁺X^R)

(X^RX^R)

1.3

1.62

No Portadoras

Portadoras

Estériles

Jurado *et al*, 2008

Características fenotípicas: Efecto del alelo $FecX^R$ sobre Tipo de Parto

Hijas de 6 machos $FecX^R$ del catálogo

| | | | | | |
|--------------------|------------|----------|-----------|------------|---------------------|
| Partos (N=3847) | 1 42,5% | 2 48% | 3 8,6% | >3 0.9% | <i>PROL</i> 1.67 |
|--------------------|------------|----------|-----------|------------|---------------------|

Hijas machos sin $FecX^R$

| | | | | | |
|--------------------|----------|----------|-----------|------------|---------------------|
| Partos (N=5272) | 1 66% | 2 32% | 3 1.8% | >3 0.2% | <i>PROL</i> 1.36 |
|--------------------|----------|----------|-----------|------------|---------------------|

Hijas media de toda la población

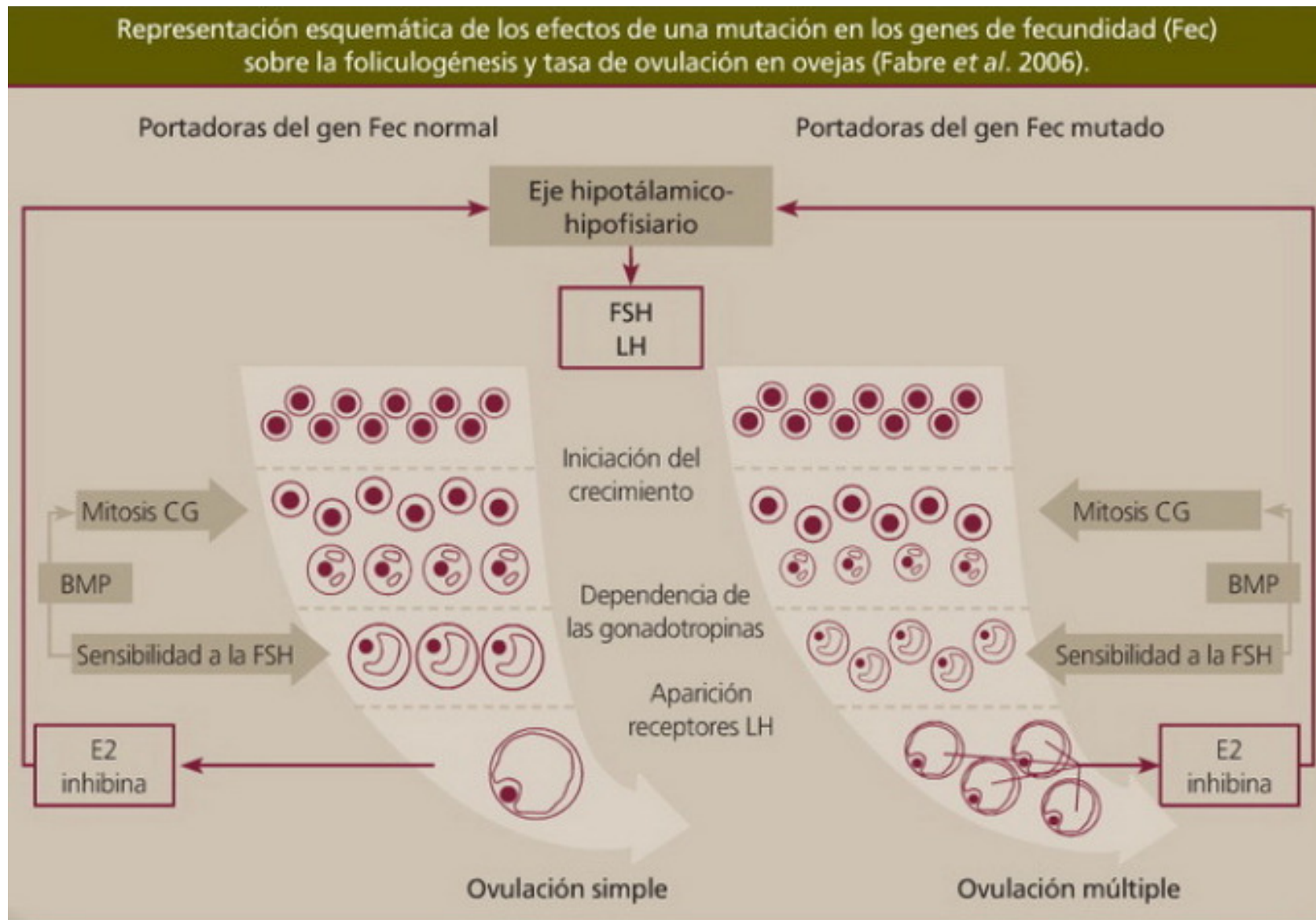
| | | | | | |
|----------------------|------------|------------|------------|------------|---------------------|
| Partos (N=838000) | 1 64,8% | 2 33,3% | 3 1.78% | >3 0,1% | <i>PROL</i> 1.37 |
|----------------------|------------|------------|------------|------------|---------------------|

BMP15 actúa sobre la Tasa de ovulación

Cuadro 1. Tasa de ovulación y distribución de frecuencias del tipo de ovulación en ovejas ROA (Adaptado de Lahoz *et al.*, 2009).

| TIPO DE OVEJAS | CORDERAS | | ADULTAS | |
|------------------------------|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|
| | ROA | CONTROL | ROA | CONTROL |
| LOTE | | | | |
| Número de animales | 91 | 20 | 84 | 19 |
| Tasa de ovulación | 1,60 ^a | 1,16 ^b | 1,99 ^a | 1,36 ^b |
| TIPO DE OVULACIÓN (n) | | | | |
| 1 (%) | 38,9 ^a | 91,3 ^b | 15,5 ^a | 64,8 ^b |
| 2 (%) | 59,2 ^a | 8,7 ^b | 69,7 ^a | 33,3 ^b |
| ≥3 (%) | 1,9 ^a | 0,0 ^a | 14,7 ^c | 1,9 ^d |

Diferencias significativas entre lotes de corderas o de adultas: ^{a,b}; $P < 0,01$;
^{c,d}; $P < 0,05$.



Características fenotípicas: características productivas

Tabla I: Características productivas de los corderos de parto doble hasta el destete en función del genotipo materno (medias \pm E.E.).

| | Corderos de ovejas ROA (n=36) | Corderos de ovejas Control (n=32) | SIG |
|-----------------------------------|-------------------------------------|--------------------------------------|-----|
| Peso al nacimiento (kg) | 3,2 \pm 0,6 | 3,3 \pm 0,5 | NS |
| Peso 8 d (kg) | 5,0 \pm 1,0 | 4,9 \pm 1,0 | NS |
| Peso 15 d (kg) | 6,0 \pm 1,3 | 6,1 \pm 1,2 | NS |
| Peso 22 d (kg) | 7,1 \pm 1,6 | 7,3 \pm 1,3 | NS |
| Peso 30 d (kg) | 7,9 \pm 1,8 | 8,2 \pm 1,6 | NS |
| Ganancia Media Diaria 0-30 d (g) | 157,5 \pm 0,04 | 171,4 \pm 0,04 | NS |
| Ganancia Media Diaria 30-50 d (g) | 204,3 \pm 0,02 | 178,2 \pm 0,01 | NS |

NS: P>0,05

Características fenotípicas: características productivas

Tabla II: Evolución del peso vivo y condición corporal en las ovejas tras el parto y en lactación (medias \pm E.E.).

| Genotipo de las ovejas | ovejas ROA R+ (n=18) | Ovejas Control ++ (n=16) | SIG |
|------------------------|----------------------|--------------------------|-----|
| Peso 8 d (kg) | 58,7 \pm 6,12 | 58,9 \pm 7,11 | NS |
| Peso 15 d (kg) | 55,6 \pm 6,22 | 56,5 \pm 7,53 | NS |
| Peso 22 d (kg) | 55,9 \pm 5,92 | 57,1 \pm 7,66 | NS |
| Peso 30 d (kg) | 55,5 \pm 6,96 | 56,8 \pm 7,96 | NS |
| CC 8 d | 2,7 \pm 0,47 | 2,6 \pm 0,47 | NS |
| CC 15 d | 2,6 \pm 0,40 | 2,5 \pm 0,41 | NS |
| CC 22 d | 2,5 \pm 0,44 | 2,5 \pm 0,51 | NS |
| CC 30 d | 2,4 \pm 0,48 | 2,3 \pm 0,39 | NS |

NS: P>0,05

Características fenotípicas: características productivas

Tabla IV. Peso vivo y características de la canal

| Genotipo (madre/cordero) | ++/++ | R+/++ | R+/R+ | E.E. | Sig |
|-----------------------------|-----------------------|-----------------------|-----------------------|-------|-----|
| n | 13 | 12 | 12 | | |
| Peso vivo | 23,3 | 22,5 | 22,8 | 0,25 | NS |
| Peso canal fría | 10,56 | 10,28 | 10,43 | 0,219 | NS |
| Rto. canal | 45,36 | 45,56 | 45,73 | 0,620 | NS |
| Conformación ¹ | 5,5 (0) | 5,8 (0 ⁺) | 5,4 (0) | 0,29 | NS |
| Engrasamiento ² | 5,7 (2 ⁺) | 5,8 (2 ⁺) | 6,1 (2 ⁺) | 0,29 | NS |
| Color grasa ³ | 2,2 (B) | 2,2 (B) | 2,1 (B) | 0,25 | NS |

Características fenotípicas: fertilidad

Tabla 5. Resultados reproductivos en IA y en cubrición natural de ovejas heterocigotas o no portadoras, genotipadas en 4 ganaderías (Experimento 1).

| Genotipo | Fertilidad IA % (n) | Prolificidad en IA (n) | Prolificidad en cubrición natural (n) |
|--|-------------------------|--------------------------------|--|
| <i>FecX^r/FecX^r</i> | 53.0 ^c (601) | 1.85 ± 0.05 ^c (337) | 1.62 ± 0.02 ^c (589) |
| <i>FecX^R/FecX^r</i> | 54.8 ^c (130) | 2.10 ± 0.10 ^d (76) | 1.96 ± 0.05 ^d (130) |

Medias corregidas ± error estándar. Diferencias entre filas: c,d: P<0.05

Tabla 6. Resultados reproductivos en IA y en cubrición natural de ovejas heterocigotas o no portadoras, asignadas por genealogía en 60 ganaderías (Experimento 2).

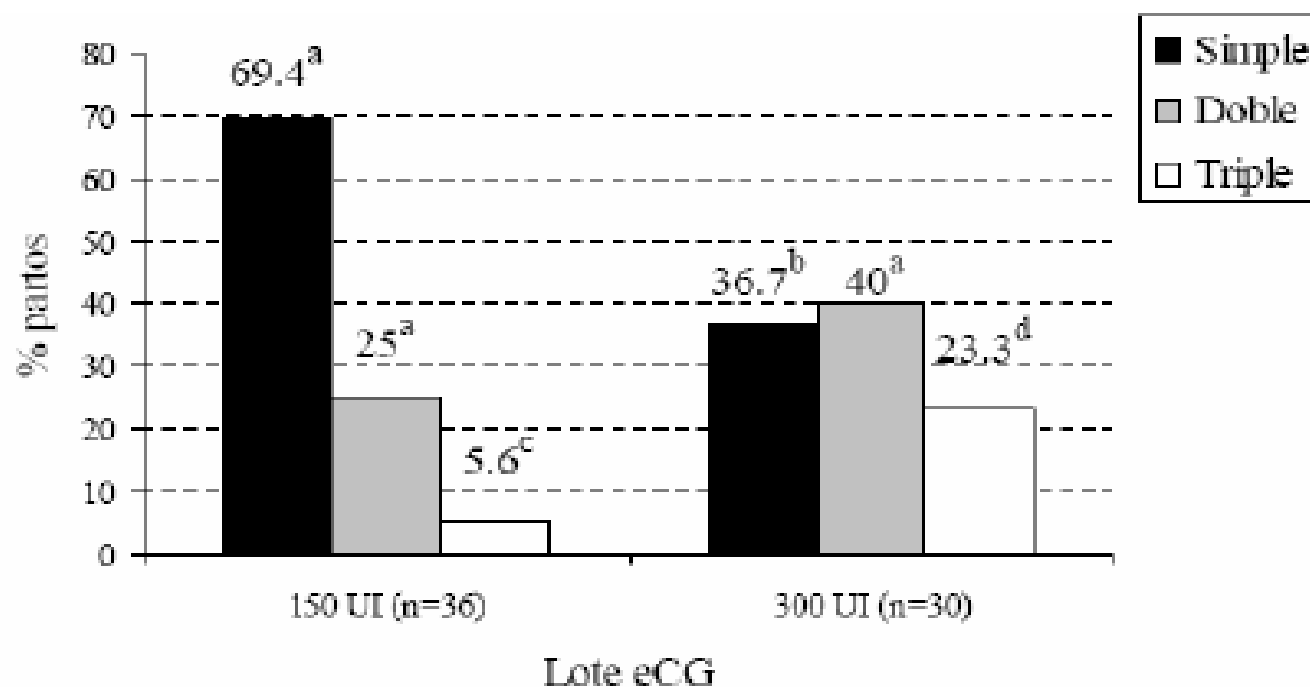
| Genotipo | Fertilidad IA % (n) | Prolificidad en IA (n) | Prolificidad en cubrición natural (n) |
|--|---------------------------|---------------------------------|--|
| Desconocido* | 59.5 ^a (15945) | 1.61 ± 0.01 ^a (9319) | 1.35 ± 0.01 ^a (12509) |
| <i>FecX^R/FecX^r</i> | 71.1 ^b (217) | 1.76 ± 0.05 ^b (151) | 1.62 ± 0.04 ^b (217) |

* Es razonable suponer que la mayor parte de las ovejas son no portadoras (*FecX^r/FecX^r*).

Medias corregidas ± error estándar. Diferencias entre filas: a,b: P<0.01

Características fenotípicas: efecto eCG

Figura 2. Distribución de los tipos de parto en función de la dosis de eCG.



Diferencias significativas entre lotes: ^{a, b}; $P < 0.01$

Diferencias con tendencia a la significación entre lotes: ^{c, d}; $P < 0.09$

Características fenotípicas: Efecto del alelo $FecX^R$ sobre VGE Catálogo

| Posición | Semental | VGE _o | | Posición | Semental | VGE _g |
|----------|----------|------------------|--|----------|----------|------------------|
| 1° | 4455 | 52,54 | | 1° | 5 | 17,89 |
| 2° | 619 | 39,05 | | 2° | 200 | 14,12 |
| 3° | 382 | 38,11 | | 3° | 382 | 13,91 |
| 4° | 200 | 32,43 | | 4° | 4455 | 13,73 |
| 5° | 390 | 29,72 | | 5° | 199 | 12,12 |
| 6° | 1003 | 29,08 | | 6° | 753 | 11,43 |
| 7° | 199 | 27,91 | | 7° | 625 | 10,74 |
| 8° | 392 | 26,12 | | 8° | 392 | 10,67 |
| 9° | 1004 | 25,08 | | 9° | 1003 | 10,16 |
| 10° | 655 | 22,61 | | 10° | 390 | 10,16 |
| 11° | 5 | 18,93 | | 11° | 592 | 9,90 |
| 12° | 802 | 17,73 | | 12° | 1004 | 9,74 |
| 13° | 227 | 12,40 | | 13° | 926 | 9,41 |
| 14° | 753 | 11,65 | | 14° | 655 | 8,87 |



Características fenotípicas: Efecto del alelo *FecX^R* sobre VGE Catálogo

FECHA DEL DOCUMENTO 4/ 9/2012

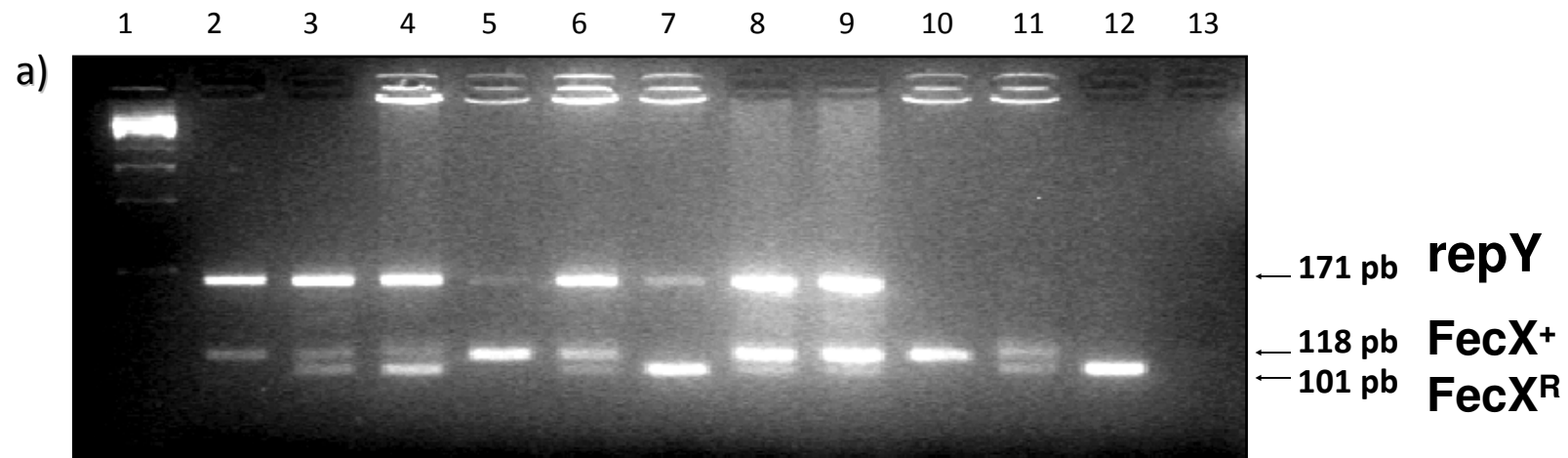
| SEMENTAL | AÑO ⁽¹⁾ | V.G. ⁽²⁾ FIB ⁽³⁾ | | NR ⁽⁴⁾ | NH ⁽⁵⁾ | TIPOS DE PARTO | | | | | NT ⁽¹¹⁾ | NTC ⁽¹²⁾ | FERT. ⁽¹³⁾ PROL. ⁽¹⁴⁾ | | PADRE | V.G. FIB | | MADRE | V.G. FIB G. PrP ⁽¹⁵⁾ R ⁽¹⁵⁾ | | |
|-------------|--------------------|--|------|-------------------|-------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|-------------------|--------------------|---------------------|---|-------|-------------|----------|------|-------------|---|----|-----------|
| | | x100 | x100 | | | S ⁽⁶⁾ | D ⁽⁷⁾ | T ⁽⁸⁾ | C ⁽⁹⁾ | Q ⁽¹⁰⁾ | | | x100 | x100 | | x100x100 | x100 | | x100 | | |
| MACH0000583 | 1998 | 8.31 | 93 | 72 | 416 | 1216 | 901 | 62 | 6 | 0 | 2205 | 3228 | 5.300 | 1.464 | MACH0000629 | 16.08 | 63 | 20980091139 | 4.67 | 50 | ARR/ARQ . |
| MACH1078096 | 2009 | 3.44 | 35 | 1 | 3 | 3 | 0 | 0 | 0 | 0 | 3 | 3 | 1.000 | 1.000 | MACH0000005 | 5.80 | 90 | T5031342382 | 2.62 | 41 | ARQ/ARQ R |
| MACH0006106 | 2006 | 3.34 | 61 | 29 | 87 | 117 | 44 | 5 | 0 | 0 | 167 | 220 | 1.920 | 1.317 | MACH0000577 | 3.93 | 92 | 24550003880 | 9.21 | 31 | ARQ/ARQ . |
| MACH0006078 | 2006 | 2.45 | 79 | 64 | 296 | 246 | 258 | 39 | 7 | 0 | 561 | 907 | 1.895 | 1.617 | MACH0000564 | -2.05 | 86 | 21880099910 | 12.07 | 47 | ARQ/ARQ R |
| MACH0025059 | 2005 | 1.80 | 63 | 23 | 72 | 98 | 82 | 3 | 0 | 0 | 190 | 271 | 2.639 | 1.426 | MACH0000564 | -2.05 | 86 | 21870021202 | 5.71 | 41 | ARR/ARQ . |
| MACH0007150 | 2007 | 1.32 | 59 | 28 | 74 | 70 | 45 | 1 | 0 | 0 | 119 | 163 | 1.608 | 1.370 | MACH0000005 | 5.80 | 90 | 21870021223 | -3.21 | 55 | ARR/ARQ . |



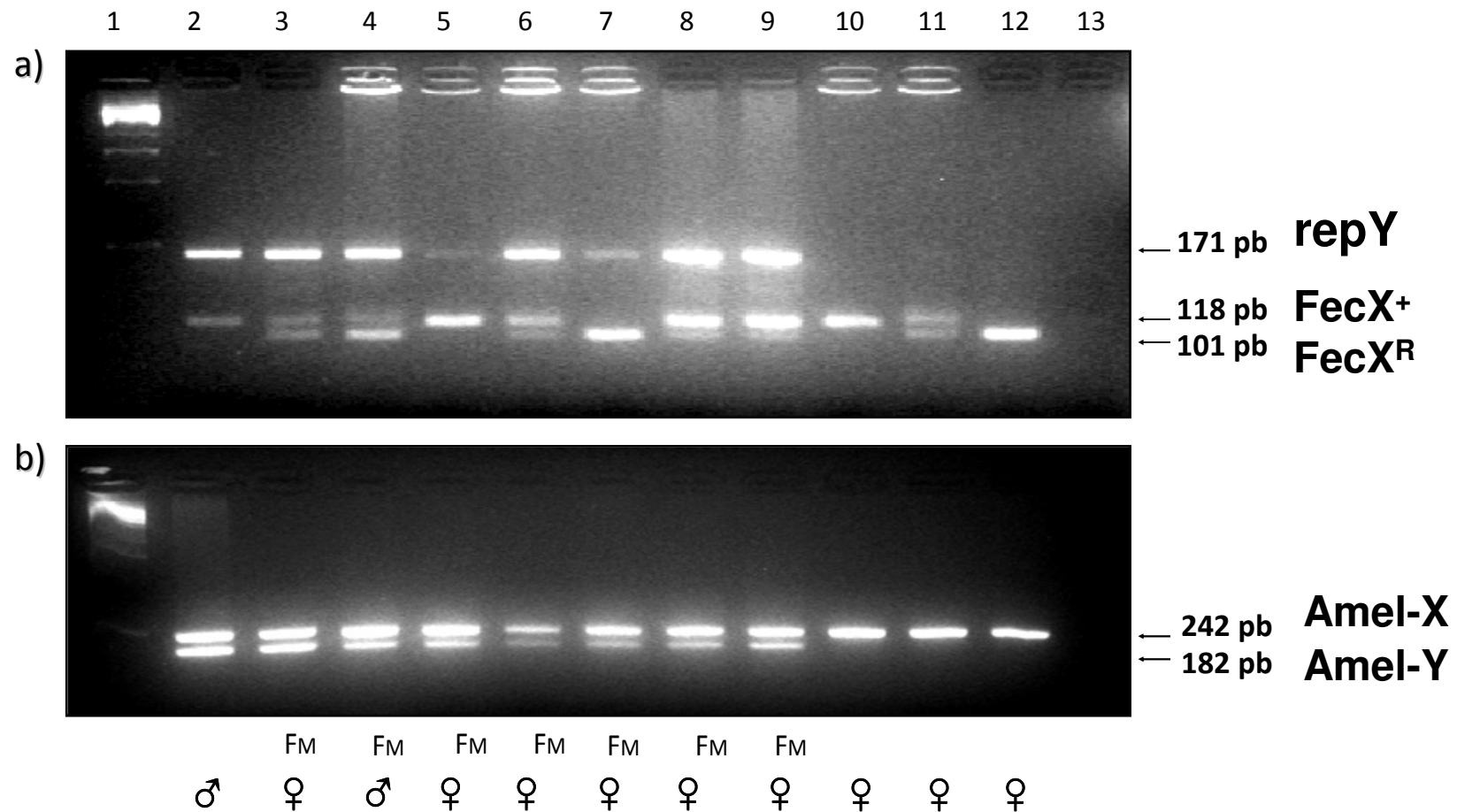
PrP⁽¹⁵⁾ R⁽¹⁵⁾

) ARR/ARQ .
 L ARQ/ARQ R
 L ARQ/ARQ .
 7 ARQ/ARQ R
 L ARR/ARQ .
 5 ARR/ARQ .
 5 ARR/ARQ .

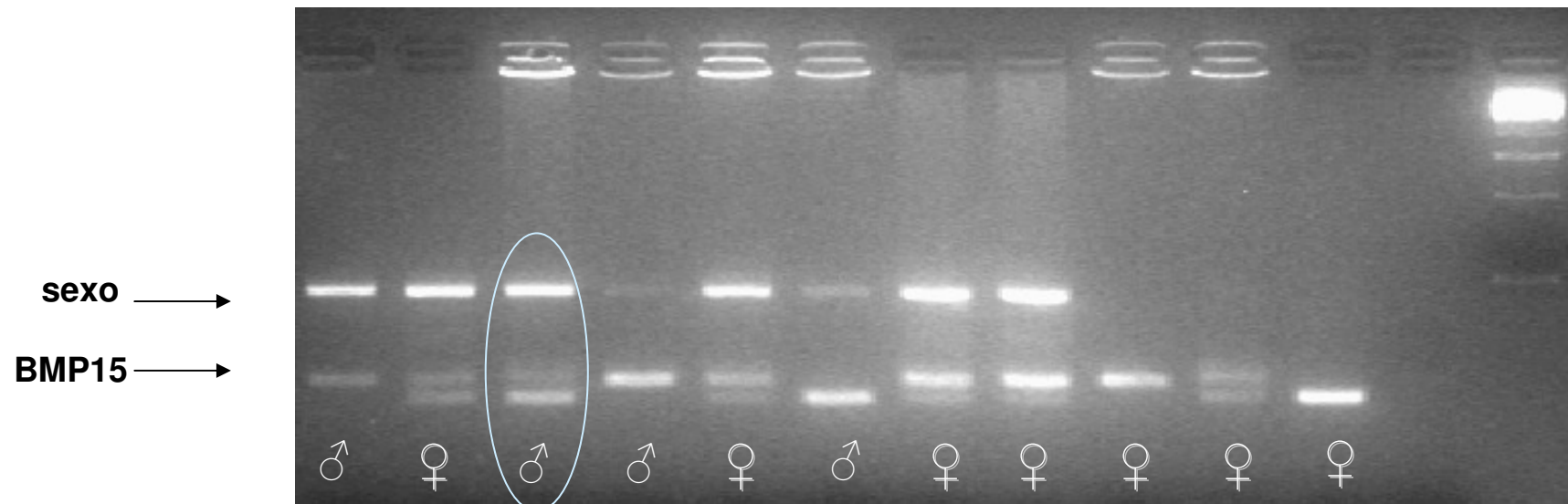
Frecuencia de *FecX^R* y Freemartinismo por PCR dúplex



Frecuencia de *FecX^R* y Freemartinismo por PCR dúplex



Frecuencia de *FecX^R* y Freemartinismo por PCR dúplex



Frecuencia de *FecX^R* y Freemartinismo por PCR dúplex

| | | Genotipo | | |
|------------------|-----|--------------------------------------|--------------------------------------|--------------------------------------|
| Hembras | N | FecX ⁺ /FecX ⁺ | FecX ^R /FecX ⁺ | FecX ^R /FecX ^R |
| Lote control | 250 | 156 (0) | 83 (0) | 11 (0) |
| Rebaño prolífico | 82 | 0 (0) | 82 (2) | 0 (0) |
| Rebaño comercial | 113 | 68 (1) | 35 (2) | 5 (2) |

| | | Genotipo | |
|--------------|-----|-------------------|-------------------|
| Machos | N | FecX ⁺ | FecX ^R |
| Lote control | 250 | 237 (0) | 13 (0) |

Frecuencia de *FecX^R* y Freemartinismo por PCR dúplex

| | | Genotipo | | |
|------------------|-----|--------------------------------------|--------------------------------------|--------------------------------------|
| Hembras | N | FecX ⁺ /FecX ⁺ | FecX ^R /FecX ⁺ | FecX ^R /FecX ^R |
| Lote control | 250 | 156 (0) | 83 (0) | 11 (0) |
| Rebaño prolífico | 82 | 0 (0) | 82 (2) | 0 (0) |
| Rebaño comercial | 113 | 68 (1) | 35 (2) | 5 (2) |

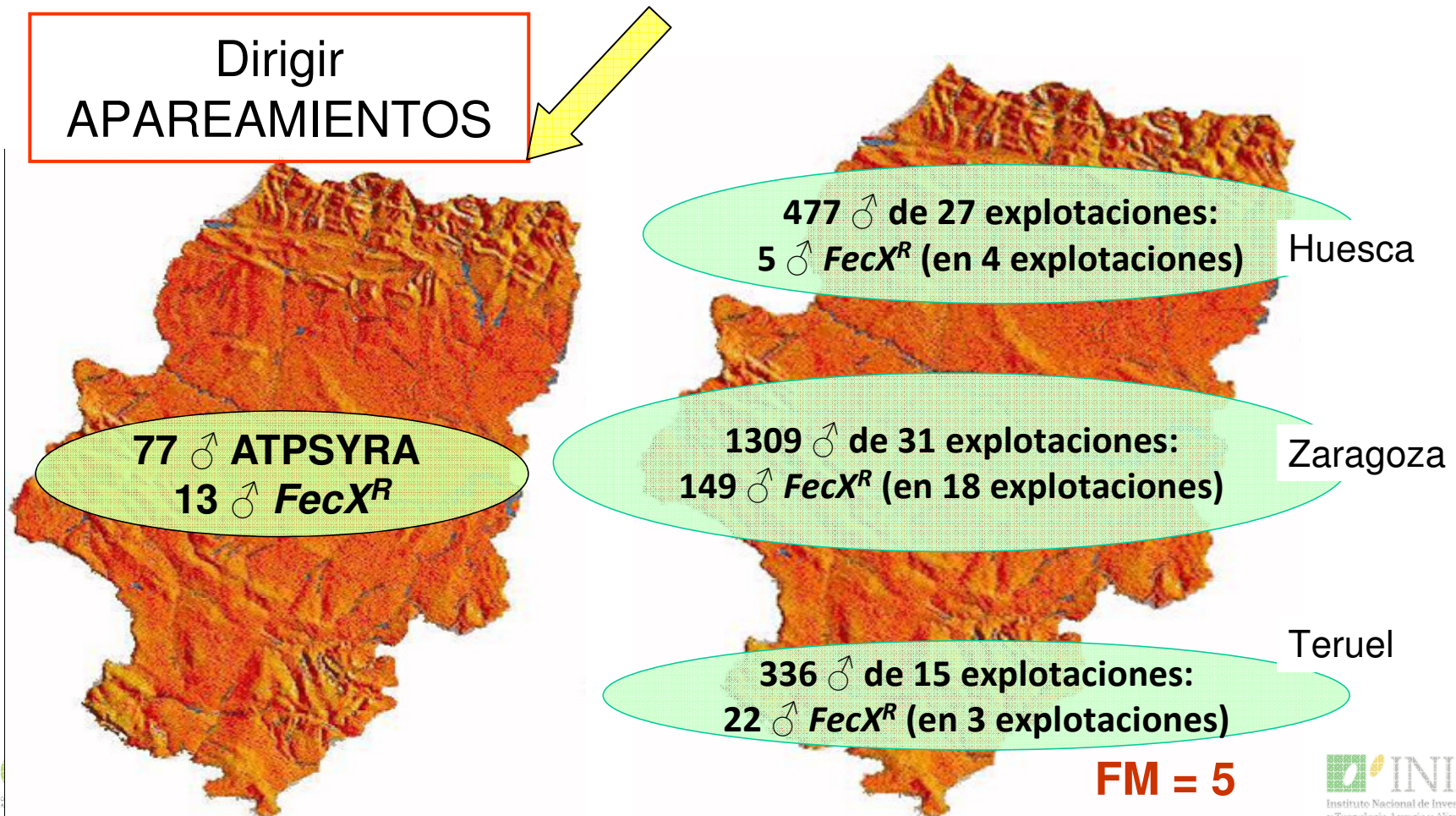
7 → 3.58%

| | | Genotipo | |
|--------------|-----|-------------------|-------------------|
| Machos | N | FecX ⁺ | FecX ^R |
| Lote control | 250 | 237 (0) | 13 (0) |

Estudio de la frecuencia en diferentes explotaciones

Localizar machos de monta natural en las explotaciones
Localizar machos jóvenes portadores de $FecX^R$

Dirigir
APAREAMIENTOS



Genotipado de Hembras en explotaciones $P_m > 1.5$

Normales (+/+) Portadoras(+/R) Estériles(R/R)

368 ♀ (XX) → PROL = 1.590

FM = 2+2

89,5 %

10,5 % (n=39)

0 % (n=0)

1351 ♀ (XX) → PROL = 1.527

85,49 %

14,5 % (n=190)

0,01% (n=13)

274 ♀ (XX) → PROL = 1.516

89,5 %

19,7 % (n=54)

0 % (n=1)

153 ♀ (XX) → PROL = 1.545

73,3 %

26,7 % (n=41)

0 % (n=0)

Recomendaciones del programa *FecX^R*

Análisis pormenorizado de cada explotación interesada
Asesoramiento y control técnico al ganadero

- **¿Qué porcentaje de partos múltiples soporta la explotación?**
Tecnificación, Mano de obra, etc.
- **Control electrónico de ovejas inseminadas con machos *FecX^R***
- **Genotipar todos los machos de las ganaderías privadas**
con el objetivo de tener los machos *FecX^R* bajo control oficial,
evitando emparejamientos en las ganaderías que produzcan
descendientes estériles.
- **Establecer un programa de IA a partir de machos *FecX^R***

Recomendaciones del programa *FecX^R*

- ¿Cómo hago la reposición de hembras portadoras de *FecX^R* ?
 - Cruzamientos machos *FecX^R* con hembras *FecX⁺* / *FecX⁺*
 - Destinar toda la descendencia de las hembras *FecX^R* a matadero, salvo hembras que se quieran dejar de reposición que se genotiparán.

Sevicio público
de genotipado

- El resto del rebaño continuar con el plan de selección clásico de aumento de prolificidad por vía poligénica.

- **Incremento de la prolificidad en las ovejas del 0.32 cordero y parto, a través del incremento de partos dobles.**

- **Incremento de la prolificidad en las ovejas del 0.32 cordero y parto, a través del incremento de partos dobles.**
- **Los partos dobles no suponen un incremento de la mortalidad perinatal.**
- **Incremento de la rentabilidad en algunos tipos de explotación.**

OVINO DE CARNE EN ARAGON
Periodo 2002-2007

| GTE 2007 | NO SELECCIÓN | SELECCIÓN UPRA (+ 3 años) | ROA (+ 5% de ovejas) |
|--------------------------------|---------------------|--------------------------------------|---------------------------------|
| Nº DE EXPLOTACIONES | 25 | 22 | 5 |
| DATOS ESTRUCTURALES | | | |
| Número ovejas | 636,4 | 816,9 | 528,9 |
| ÍNDICES TÉCNICOS | | | |
| Número partos/oveja | 1,07 | 1,23 | 1,28 |
| Prolificidad | 1,34 | 1,44 | 1,59 |
| % Mortalidad de corderos | 10,23 | 9,26 | 10,61 |
| Número corderos vendidos/oveja | 1,16 | 1,45 | 1,59 |
| | | ↑ +0,29 | ↑ +0,43 |

OVINO DE CARNE EN ARAGON
Periodo 2002-2007

| GTE 2007 | NO SELECCIÓN | SELECCIÓN UPRA (+ 3 años) | ROA (+ 5% de ovejas) |
|-------------------------------|---------------|------------------------------|-------------------------|
| INGRESOS POR OVEJA (€) | | | |
| Corderos | 68,34 | 93,19 | 104,81 |
| Subvenciones | 38,34 | 38,47 | 41,7 |
| Otros Ingresos | 3,16 | 5,34 | 8,27 |
| INGRESOS TOTALES | 109,84 | 136,99 | 154,77 |
| | | ↑ +27,15 | ↑ +44,93 |

OVINO DE CARNE EN ARAGON
Periodo 2002-2007

| GTE 2007 | NO SELECCIÓN | SELECCIÓN UPRA (+ 3 años) | ROA (+ 5% de ovejas) |
|--------------------------------|--------------|------------------------------|-------------------------|
| COSTES POR OVEJA (€) | | | |
| Alimentación comprada ovejas | 18,37 | 18,10 | 28,53 |
| Alimentación comprada corderos | 15,82 | 18,47 | 19,67 |
| Arrendamiento de pastos | 3,72 | 3,73 | 3,68 |
| Autoconsumos Totales | 19,89 | 16,60 | 16,38 |
| ALIMENTACIÓN TOTAL | 57,80 | 56,90 | 68,26 |
| Costes Totales (S.M.O.F.) | 80,71 | 79,48 | 91,85 |

↑
-1,23

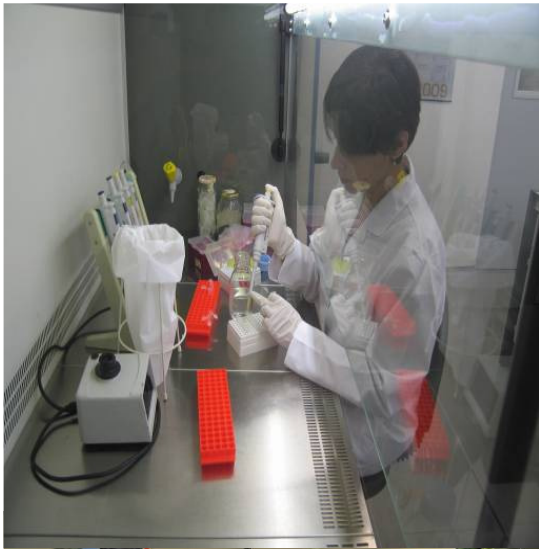
↑
+11,14

OVINO DE CARNE EN ARAGON
Periodo 2002-2007

| GTE 2007 | NO SELECCIÓN | SELECCIÓN UPRA (+ 3 años) | ROA (+ 5% de ovejas) |
|--|--------------|------------------------------|-------------------------|
| RESULTADOS ECONÓMICOS OVEJA | | | |
| Margen Bruto sin mano de obra familiar | 29,13 | 57,51 | 62,93 |
| | | +28,38 | +33,80 |
| RESULTADOS ECONÓMICOS UTH | | | |
| Margen Bruto sin mano de obra familiar | 13945 | 28319 | 24147 |

- **Incremento de la prolificidad en las ovejas del 0.32 cordero y parto, a través del incremento de partos dobles.**
- **Los partos dobles no suponen un incremento de la mortalidad perinatal.**
- **Incremento de la rentabilidad en algunos tipos de explotación.**
- **Introducir el programa del gen mayor en las explotaciones supone un estudio individual de las mismas, así como un control electrónico de todas las ovejas ROA inseminadas y de su descendencia.**

- **Destinar toda la descendencia de hembras ROA a matadero o bien genotipar la reposición.**
- **Inseminar un número limitado de ovejas en las ganaderías con machos ROA al 30 %.**
- **Continuar con el plan de selección poligénica.**
- **Seguir estudiando las características de esta nueva variante génica.**



GRACIAS

