

ÉVORA - PALÁCIO D. MANUEL

13 a 15 de SETEMBRO de 2012

VIII CONGRESSO IBÉRICO

SOBRE

RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS



RESUMO DAS COMUNICAÇÕES



SERGA

**PREGA**

ANÁLISIS Y SELECCIÓN DE SNPS PARA LA CREACIÓN DE UN CHIP COMÚN DE 48 SNPS DESTINADO AL CONTROL DE PATERNIDADES EN RAZAS OVINAS CATALANAS

Ferrando, A., J. Casellas y J. Jordana

Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Spain.

Palabras clave: SNP, ovino, control paternidades

La correcta gestión de los Libros Genealógicos de las razas, implica la llevanza de un adecuado y fiable control de las filiaciones de los animales registrados. El método más empleado suele ser mediante el análisis genético con marcadores microsatélite. No obstante, este método, puede resultar demasiado costoso económicamente en animales de producción, con una elevada tasa de reposición y un limitado margen de venta. En este estudio, se ha valorado la utilidad de 96 SNPs descritos en ovino para diseñar un chip de 48 SNPs, destinado al control de paternidades en las tres razas ovinas autóctonas catalanas: Aranesa, Ripollesa y Xisqueta. Los chips de SNPs tienen la ventaja de ser fácilmente automatizables y más baratos que los microsatélites. Los 96 SNPs analizados fueron seleccionados por su distribución en el genoma y su MAF en otras razas, según datos del *International Sheep Genomics Consortium* (ISGC). Para ello, se emplearon muestras de machos reproductores distribuidos en distintas explotaciones de cada raza: Aranesa (N=77), Ripollesa (N=197) y Xisqueta (N=196). Los 48 SNPs seleccionados están repartidos en los 26 cromosomas autosómicos y mostraron una MAF que osciló, dentro de raza, entre 0.201 y 0.500, con una media superior a 0.400 en las tres. La probabilidad de exclusión de una falsa paternidad fue superior al 99% en las tres razas, combinando estos 48 SNPs y asumiendo apareamientos aleatorios dentro de cada una. Este chip ha empezado a ser utilizado en el control de filiaciones de la reposición de las razas Ripollesa y Xisqueta, inscritas en sus respectivos Libros Genealógicos.

ANÁLISIS Y SELECCIÓN DE SNPs PARA LA CREACIÓN DE UN CHIP COMÚN DE 48 SNPs DESTINADO AL CONTROL DE PATERNIDADES EN RAZAS OVINAS CATALANAS



Ferrando, A., Casellas, J., Jordana, J.



Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Spain.

INTRODUCCIÓN

La correcta gestión de los Libros Genealógicos de las razas implica un control adecuado de las filiaciones de los animales registrados. Algunos métodos pueden resultar demasiado costosos en animales de producción con una elevada tasa de reposición y un limitado margen de venta.

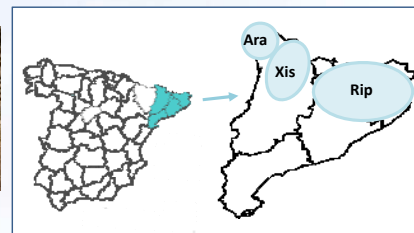
En este estudio se ha valorado la utilidad de 96 marcadores SNPs descritos en ovino para crear un chip de 48 SNPs, destinado al control de paternidades en las tres razas ovinas autóctonas catalanas: Aranesa, Ripollesa y Xisqueta.

MATERIAL Y MÉTODOS

- Los 96 SNP analizados fueron seleccionados por su distribución en el genoma y por los valores de frecuencia del alelo minoritario (MAF) en otras razas, según datos de *The International Sheep Genomics Consortium* (ISGC, 2010).
- Se analizó el genotipo de 470 machos reproductores de las razas ovinas catalanas: Aranesa (N=77), Ripollesa (N=197) y Xisqueta (N=196).
- El genotipado fue realizado con la plataforma BeadXpress® System de la compañía Illumina (San Diego, CA, EEUU).
- Los valores de MAF y las probabilidades de exclusión de un progenitor candidato, incluyendo o no información del otro progenitor, fueron calculados con el programa GenAIX v.6 (Peakall & Smouse, 2006).



Aranesa



Xisqueta



Ripollesa

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se obtuvo el genotipo de 470 individuos para 94 de los 96 SNPs analizados. Los valores de MAF, dentro de raza, oscilaron entre 0.182 y 0.500 (Figura 1).

De estos 94 SNPs, se seleccionaron 48 SNP repartidos en los 26 cromosomas autosómicos (Tabla 1) y con una MAF que osciló, dentro de raza, entre 0.201 y 0.500, con una media superior a 0.400 en las tres.

La probabilidad de exclusión de una falsa paternidad fue superior al 99% en las tres razas, combinando estos 48 SNPs y asumiendo apareamientos aleatorios dentro de cada raza (Figura 2b).

Dicho valor se alcanza sensiblemente antes cuando se dispone del genotipo del segundo progenitor (Figura 2a).

El chip diseñado, está siendo utilizado actualmente en el control de filiaciones para la reposición de las razas Ripollesa y Xisqueta, inscrita en los Libros Genealógicos.

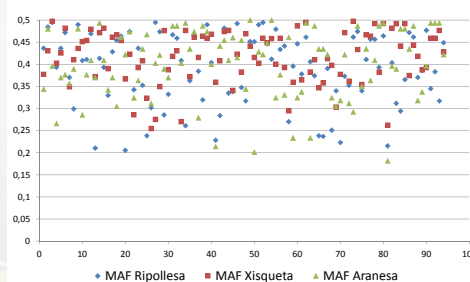


Figura 1. Frecuencia del alelo minoritario (MAF) para los 94 SNPs bialélicos genotipados en las tres razas.

Tabla 1. Lista de los 48 SNPs seleccionados para el chip de paternidades. La localización y posición cromosómica se ha extraído de la primera versión del genoma virtual ovino.

Locus (SNP)	Cromosoma	Posición estimada (Mb)	MAF más baja dentro de raza
DU351298	1	74,1	0,234
DU463771	1	188,2	0,418
DU366451	1	261,7	0,286
DU247686	2	23,6	0,447
DU492516	2	67,3	0,434
DU438072	2	117,5	0,409
DU480434	2	202,3	0,403
DU470132	2	246,1	0,276
DU200069	3	17,9	0,422
DU225323	3	96,6	0,320
CL635241	3	195,5	0,424
DU301854	4	25,0	0,234
DU370089	4	111,5	0,338
DU245849	5	16,3	0,441
DU407749	5	80,1	0,370
DU325267	6	3,8	0,201
DU385524	6	90,9	0,436
DU260026	7	1,3	0,318
DU364675	7	41,8	0,364
CZ920950	7	81,5	0,459
DU213735	8	6,9	0,377
DU492158	8	95,6	0,375
DU329154	9	5,4	0,377
DU388321	9	92,8	0,279
DU328870	10	17,6	0,304
DU458238	10	92,6	0,363
DU232778	11	34,6	0,431
DU289888	12	3,6	0,414
DU310703	12	82,4	0,462
DU452456	13	56,5	0,345
DU223894	14	62,4	0,377
DU414375	15	25,0	0,305
DU372397	15	82,7	0,411
DU529574	16	39,7	0,416
DU206327	17	16,0	0,393
DU463532	17	60,5	0,312
DU325612	18	26,3	0,331
DU459528	19	2,2	0,335
DU298844	19	49,2	0,383
DU216457	20	5,8	0,348
DU492723	20	52,2	0,325
DU380983	21	31,5	0,237
DU413994	22	5,8	0,292
DU258149	23	55,9	0,444
DU452167	24	22,4	0,391
DU322055	25	2,1	0,455
DU515326	26	14,7	0,462
DU231335	n.d.	n.d.	0,373

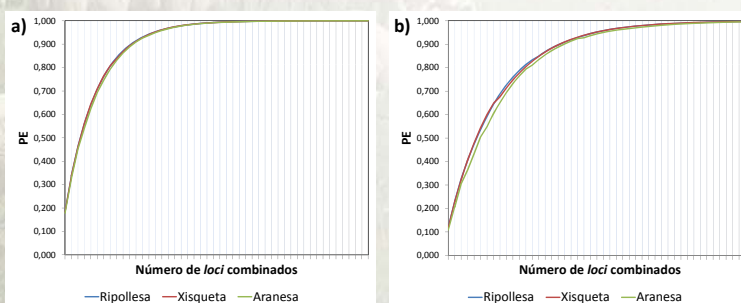


Figura 2. a) Probabilidad de exclusión (PE) disponiendo del genotipo del segundo progenitor, y b) sin disponer de él, para cada combinación creciente de 1 a 48 loci.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Peakall, R., Smouse, P.E. (2006). *Molecular Ecology Notes*. 6, 288-295.
- The International Sheep Genomics Consortium, Archibald, A.L., Cockett, N.E., Dalrymple, B.P., faraut, T., Kijas, J.W., Maddox, J.F., McEwan, J.C., Hutton Oddy, V., Raadsma, H.W., Wade, C., Wang, J., Wang, W., Xun, X. (2010). *Animal Genetics*, 41 : 449-453.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos el soporte recibido por parte del Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca, Alimentació i Medi Natural (DAAM) de la Generalitat de Catalunya, para la realización de este trabajo.