

# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES



PEDRO JAVIER AZOR ORTIZ

## CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

- La variabilidad genética es la “habilidad para variar” y por tanto la capacidad para responder a variaciones ambientales o en los objetivos de selección.
- Constituye la base del progreso genético.
- El determinarla es una de las acciones prioritarias englobadas en el marco de la conservación de las poblaciones.
- Uno de los objetivos principales en un Programa de Conservación es mantener los niveles elevados de variabilidad genética y minimizar el incremento de la consanguinidad.



## CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES



- La caracterización de la raza es muy importante para controlar en todo momento los posibles cambios genéticos que se produzcan y por tanto tener controlado en incremento de consanguinidad al realizar apareamientos indebidos.
- Hoy día para la caracterización de las poblaciones la herramienta mas efectiva son los marcadores moleculares microsatélites.
- Además hemos utilizado para caracterizar la raza Menorquina marcadores en los genes del color de la capa y secuencias del ADN mitocondrial.



MERAGEM

PEDRO J. AZOR ORTIZ

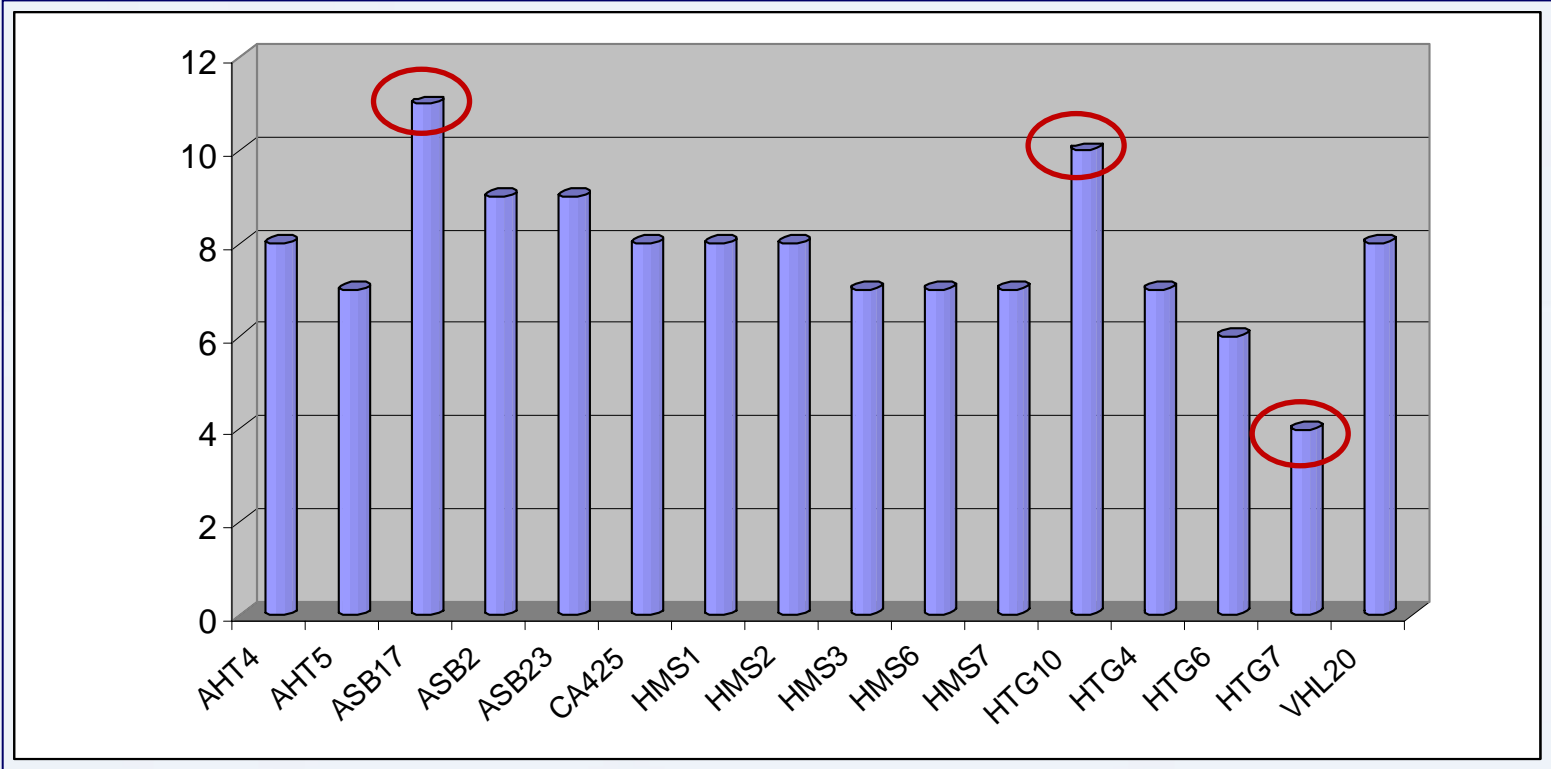
CONSERVACIÓN Y GESTIÓN SOSTENIBLE DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA

# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

## VARIABILIDAD GENÉTICA

124 alelos

7,75 alelos/locus



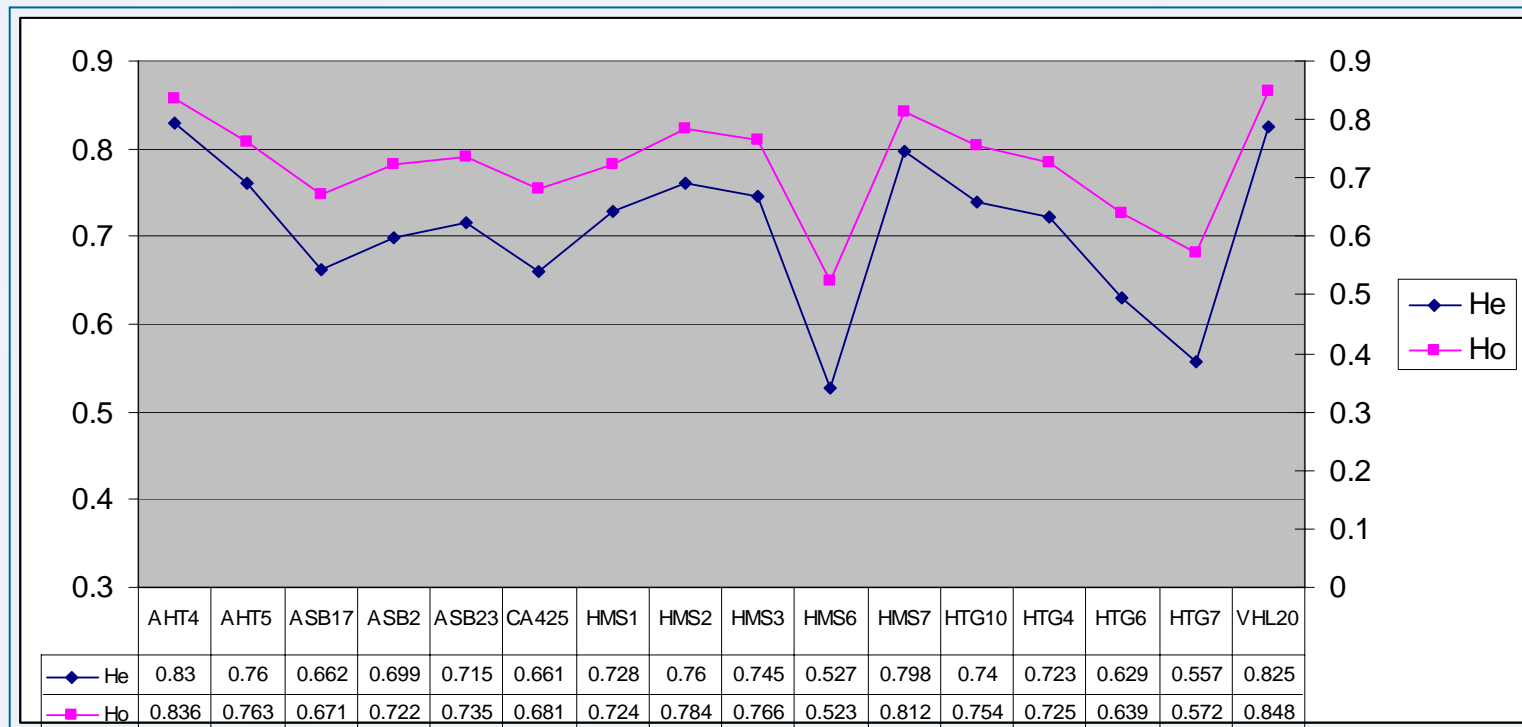
# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

## VARIABILIDAD GENÉTICA

Ho: 0,722

He: 0,710

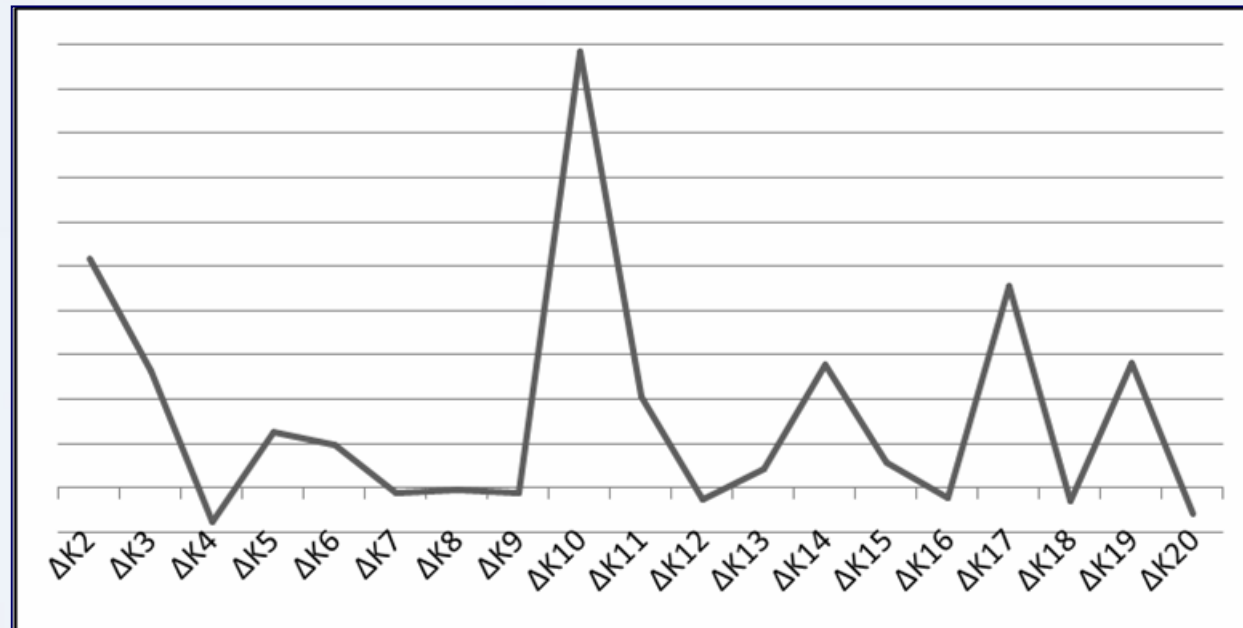
CUELLO DE BOTELLA



# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

## ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA

ESTRUCTURADA EN UN OPTIMO DE 10 CLUSTERS



MERAGEM

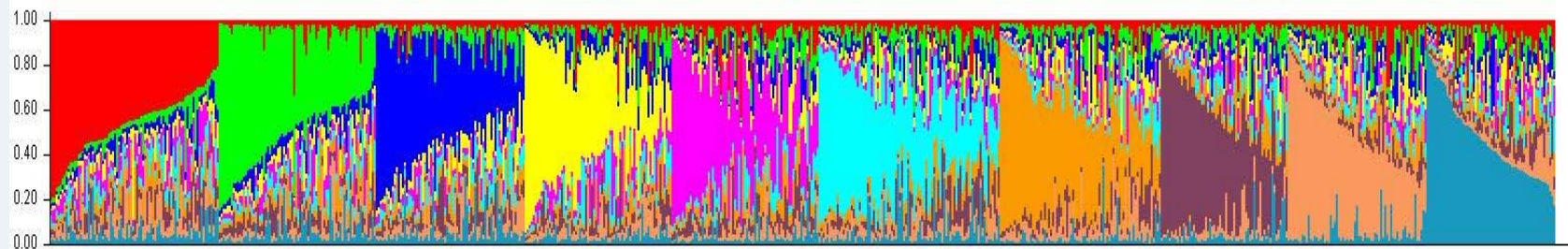
PEDRO J. AZOR ORTIZ

CONSERVACIÓN Y GESTIÓN SOSTENIBLE DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA

## CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

### ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA

#### ESTRUCTURADA EN UN OPTIMO DE 10 CLÚSTERES



- Clusters en base a su estructura molecular, aunque la conformación genética de los animales que se agrupan en cada uno de ellos no es homogénea.
- Esta agrupación tiene cierta tendencia a ser en función de las líneas genéticas de origen a la que pertenecen, es decir, se observa un porcentaje más elevado de una sola línea genética para cada uno los 10 clústeres formados.
- Diferentes preferencias de cada ganadería a criar animales de una determinada línea.

## CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

### PARENTESCO MOLECULAR ENTRE REPRODUCTORES: DISEÑO DE APAREAMIENTOS

Parentesco molecular de cada uno de los animales analizados con respecto al parentesco medio estimado en la raza

Parentesco molecular medio:  
29,14 %

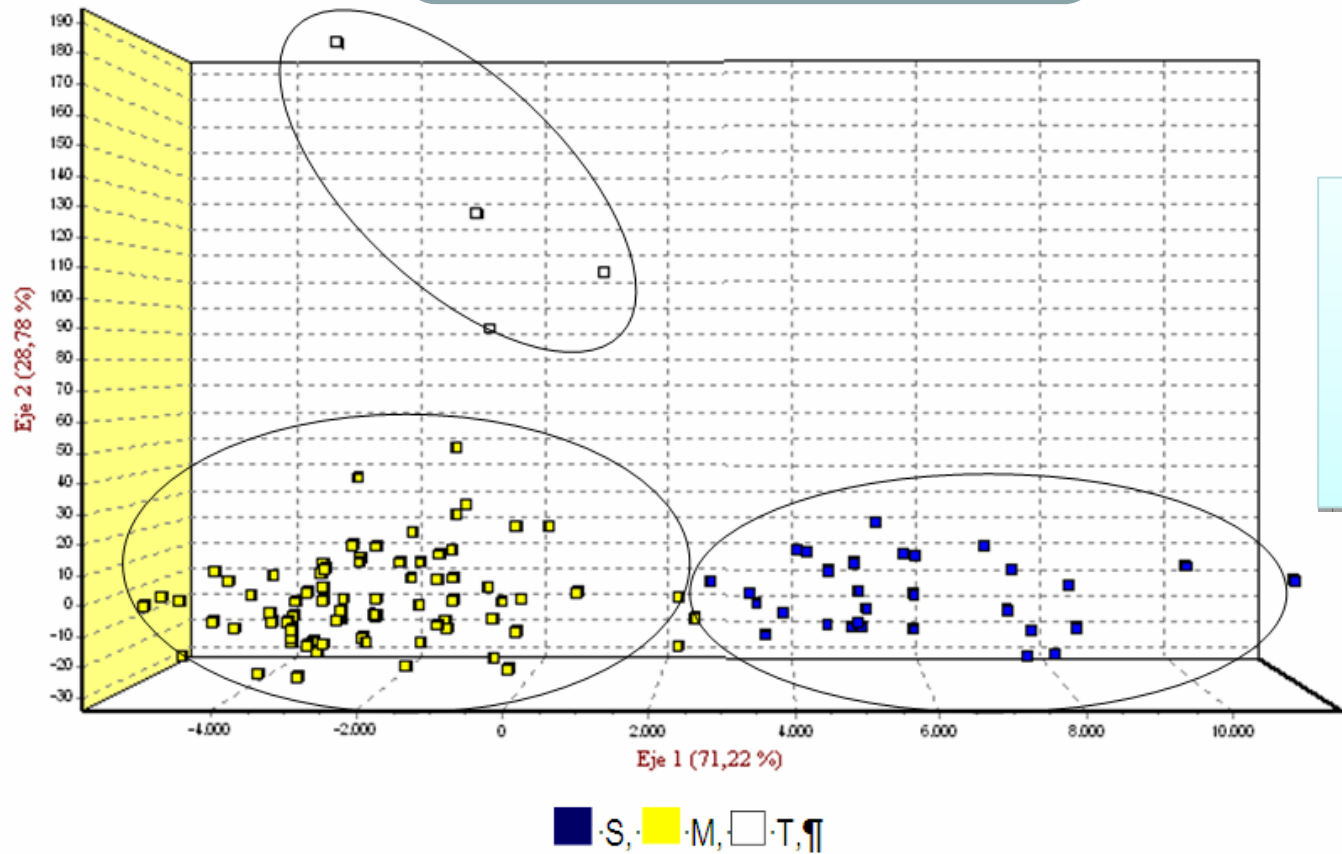
- Parentesco molecular medio de 90 sementales con un grupo de 307 reproductoras de la raza Menorquina.
- El semental **RETRUC MJ** ha sido el que ha mostrado un menor parentesco molecular medio con el grupo de las 307 hembras reproductoras (0,225) y ha mostrado el menor parentesco con la yegua TALAIA (0,078) y el mayor parentesco con la yegua LORETO (0,375).
- El semental **ORGULL** ha sido el que ha mostrado un parentesco medio superior (0,344). Ha mostrado el menor nivel de parentesco con la yegua SOCIA (0,171) y el mayor nivel lo ha presentado con la yegua SPERIT MENORCA (0,562).





# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

**ESTUDIO DE LAS RELACIONES GENÉTICAS DE LAS LÍNEAS PRESENTES EN LA RAZA EQUINA MENORQUINA UTILIZANDO MARCADORES DE ADN**



Representación espacial en el AFC en tres dimensiones de los ejemplares descendientes por vía paterna y materna de la misma línea genética (M, S y T).



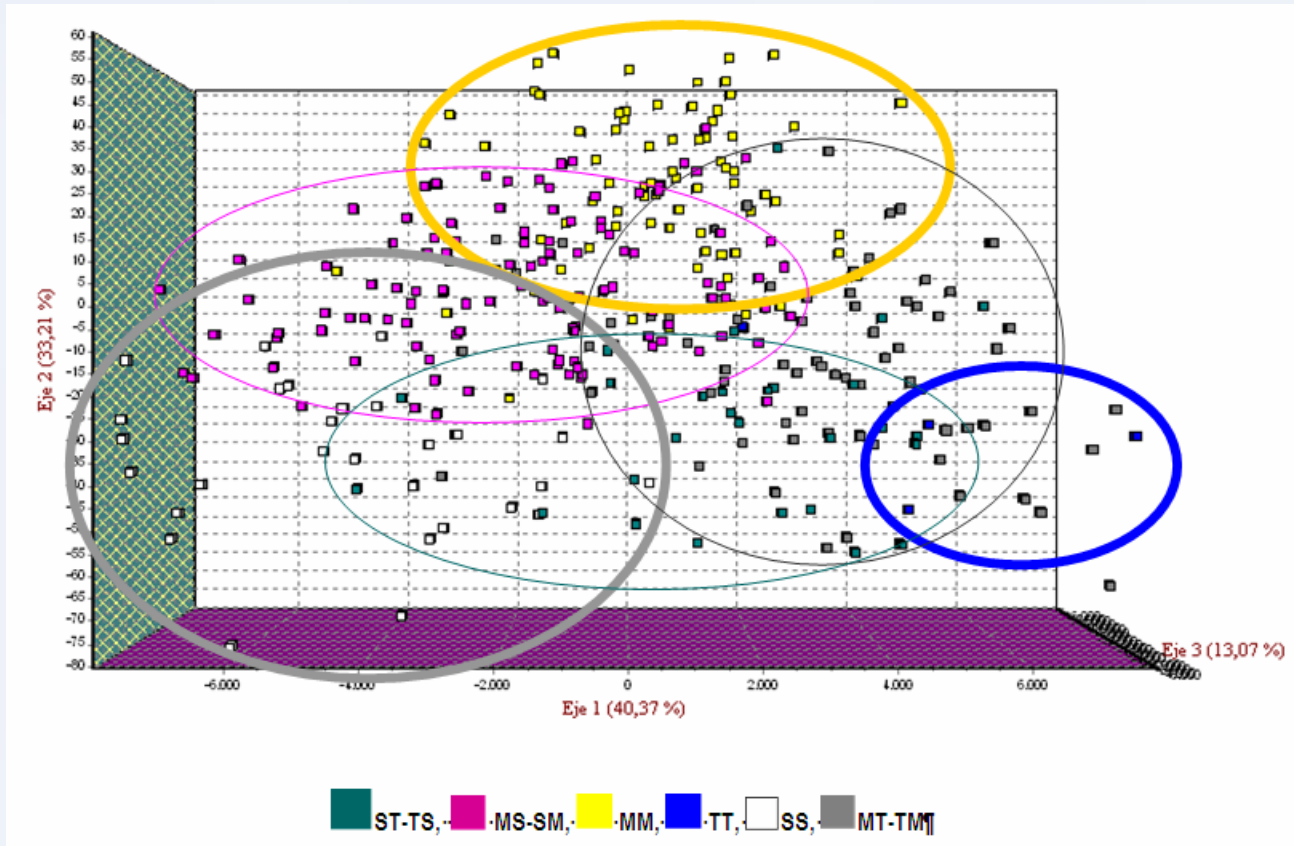
# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

## ESTUDIO DE LAS RELACIONES GENÉTICAS DE LAS LÍNEAS PRESENTES EN LA RAZA EQUINA MENORQUINA UTILIZANDO MARCADORES DE ADN

Se ha señalado cada población parental con un círculo grueso del mismo color que la representa y cada población "híbrida" con un círculo fino.

Se observa que las poblaciones "híbridas" se ubican entre las dos poblaciones parentales puras de las que proceden.

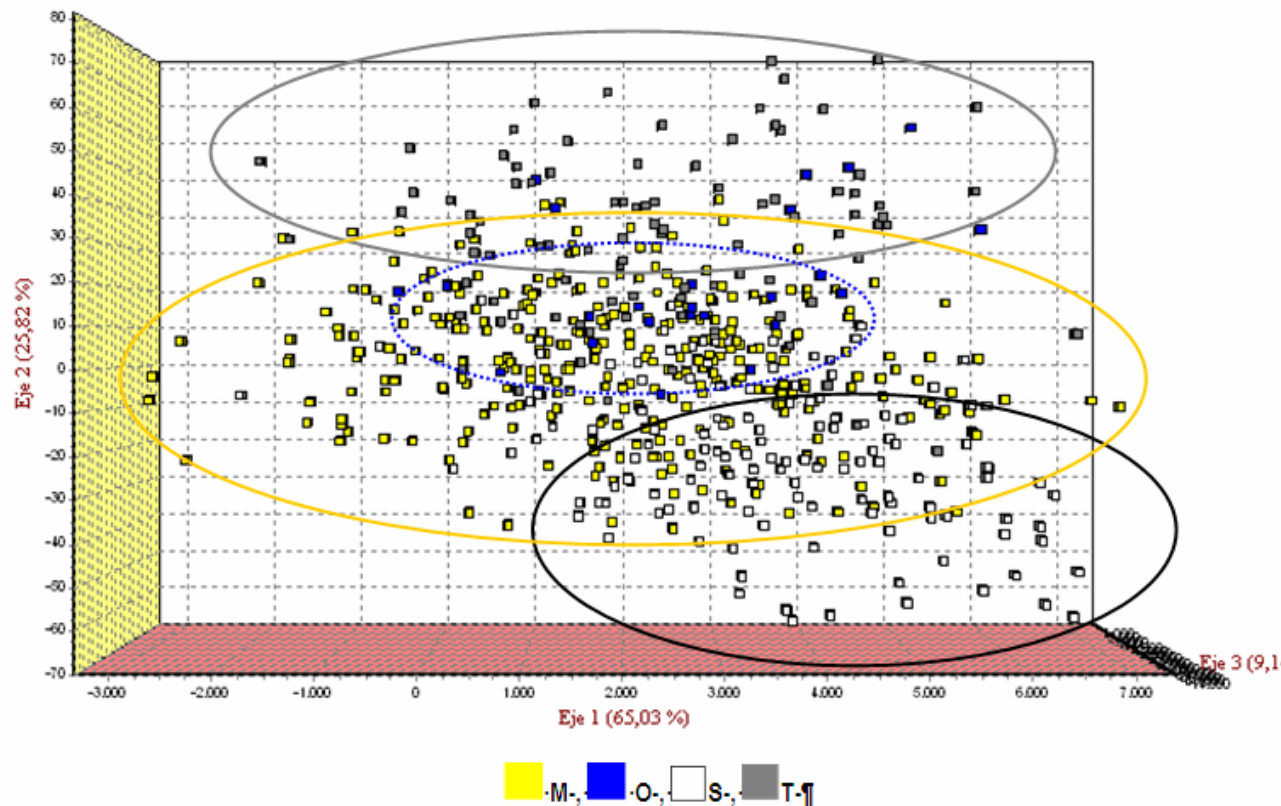
Esto evidencia la correcta asignación de los ejemplares a una determinada línea genética según el conocimiento histórico de los ganaderos.



# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

**ESTUDIO DE LAS RELACIONES GENÉTICAS DE LAS LÍNEAS PRESENTES EN LA RAZA EQUINA MENORQUINA UTILIZANDO MARCADORES DE ADN**

Representación espacial de los ejemplares descendientes por vía paterna de las líneas M, S, T y O.



Todas las poblaciones representadas están diferenciadas, aunque existen algunos ejemplares que se entremezclan entre sí.

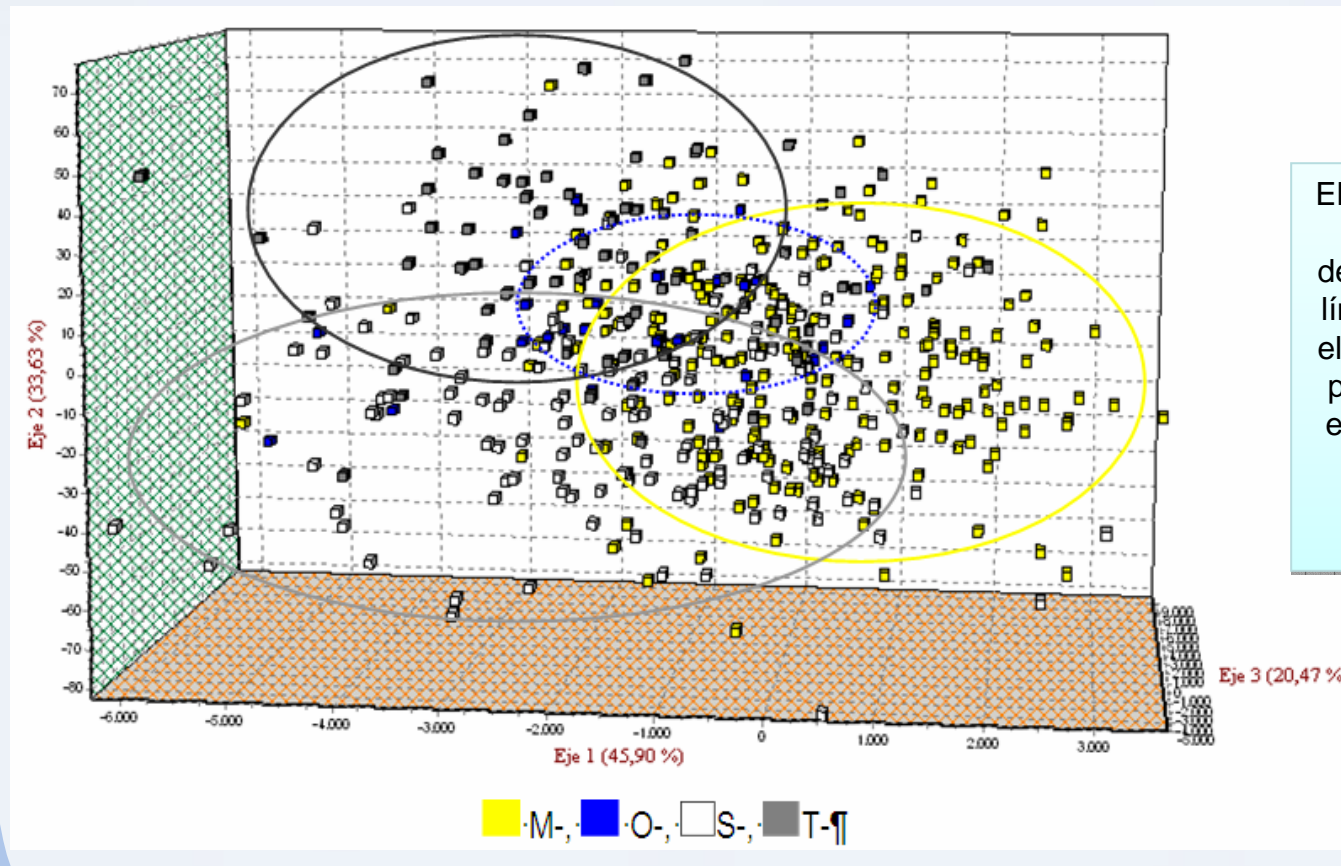
El eje 2 diferencia las poblaciones descendientes de las líneas T, M y S, y el eje 3 diferencia la línea O de las anteriores.

Los ejemplares descendientes por vía paterna de la línea O se distribuyen delante de las otras tres poblaciones aunque se ven superpuestos (representados en un círculo discontinuo).

# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

**ESTUDIO DE LAS RELACIONES GENÉTICAS DE LAS LÍNEAS PRESENTES EN LA RAZA EQUINA MENORQUINA UTILIZANDO MARCADORES DE ADN**

Representación espacial de los ejemplares descendientes por vía materna de las líneas M, S, T y O.



# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL COLOR DE LA CAPA

368 ejemplares analizados

<b>FENOTIPO</b>	<b>Castaño</b>	<b>Castaño</b>	<b>Negro</b>
Genotipo	EEAA	EEAa	EEaa
Nº animales	0	2	283
<b>FENOTIPO</b>	<b>Castaño portador de alazán</b>	<b>Castaño portador de alazán</b>	<b>Negro</b>
Genotipo	Ea1AA	Ee1Aa	Ee1aa
Nº animales	0	0	83
<b>FENOTIPO</b>	<b>Alazán</b>	<b>Alazán</b>	<b>Alazán</b>
Genotipo	e1e1AA	e1e1Aa	e1e1aa
Nº animales	0	0	0



# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

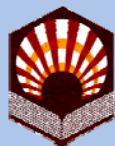


## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL COLOR DE LA CAPA

Búsqueda de marcadores moleculares relacionados con las particularidades complementarias de la capa

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10-11	12-13	14	15	16	17	18-19	20	21
NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	SI	NO	NO	NO	NO	NO	NO

Polimorfismo cDNA	Polimorfismo en el ADN genómico	Posición en el gen KIT	Proteína	Asociación con el FENOTIPO
c.2045A.G	g.161990A.G	Exón 14	H682R	TODOS GG
c.2100G.A	g.162045G.A	Exón 14	silenciosa	NEGROS: GG/GA MANCHAS: AA



MERAGEM

PEDRO J. AZOR ORTIZ

CONSERVACIÓN Y GESTIÓN SOSTENIBLE DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA

# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

## CONTROL DE FILIACIÓN



Locus	PIC	PE <sub>A</sub>	PE <sub>B</sub>
AHT4	0,808	0,488	0,660
AHT5	0,724	0,368	0,549
ASB17	0,637	0,278	0,460
ASB23	0,596	0,232	0,395
CA425	0,605	0,244	0,408
HMS1	0,684	0,323	0,498
HMS2	0,722	0,360	0,540
HMS3	0,704	0,342	0,518
HMS6	0,486	0,153	0,310
HMS7	0,768	0,423	0,601
HTG10	0,716	0,366	0,552
HTG4	0,681	0,316	0,494
HTG6	0,590	0,230	0,399
HTG7	0,499	0,163	0,306
VHL20	0,804	0,484	0,657
ASB2	0,644	0,284	0,452
PEC		0,998042	0,999984



MERAGEM

PEDRO J. AZOR ORTIZ

CONSERVACIÓN Y GESTIÓN SOSTENIBLE DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA

# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES



ESTIMACIÓN DE LAS RELACIONES GENÉTICAS DEL CABALLO MENORQUIN CON OTRAS RAZAS EQUINAS A PARTIR DE MARCADORES DEL ADN NUCLEAR

## ESTADÍSTICOS-F

	$F_{IT}$	$F_{ST}$	$F_{IS}$
Entre razas	0,15257	0,11397	0,04356
IC al (95%)	(0,11302 - 0,19283)	(0,08581 - 0,14632)	(0,02286 - 0,06549)

$F_{ST}$	BUR	HB	JAC	PRE	PAN	QUI	AST	CCO	POT	PRA	MEN
AHP	0,0832	0,0432	0,0625	0,2199	0,1392	0,0970	0,1412	0,1085	0,1000	0,2054	0,1939
BUR		0,0143	0,0165	0,1149	0,1159	0,0597	0,1117	0,0658	0,0298	0,1436	0,0924
HB			0,0140	0,1110	0,1115	0,0499	0,1075	0,0697	0,0261	0,1388	0,1122
JAC				0,1120	0,1076	0,0497	0,1127	0,0741	0,0388	0,1425	0,1102
PRE					0,1588	0,1306	0,1619	0,1164	0,0759	0,1591	0,1378
PAN						0,0815	0,1435	0,1132	0,1017	0,1998	0,1391
QUI							0,1076	0,0689	0,0427	0,1410	0,0899
AST								0,0415	0,0919	0,1890	0,1269
CCO									0,0488	0,1359	0,0933
POT										0,1167	0,0604
PRA											0,1462



MERAGEM

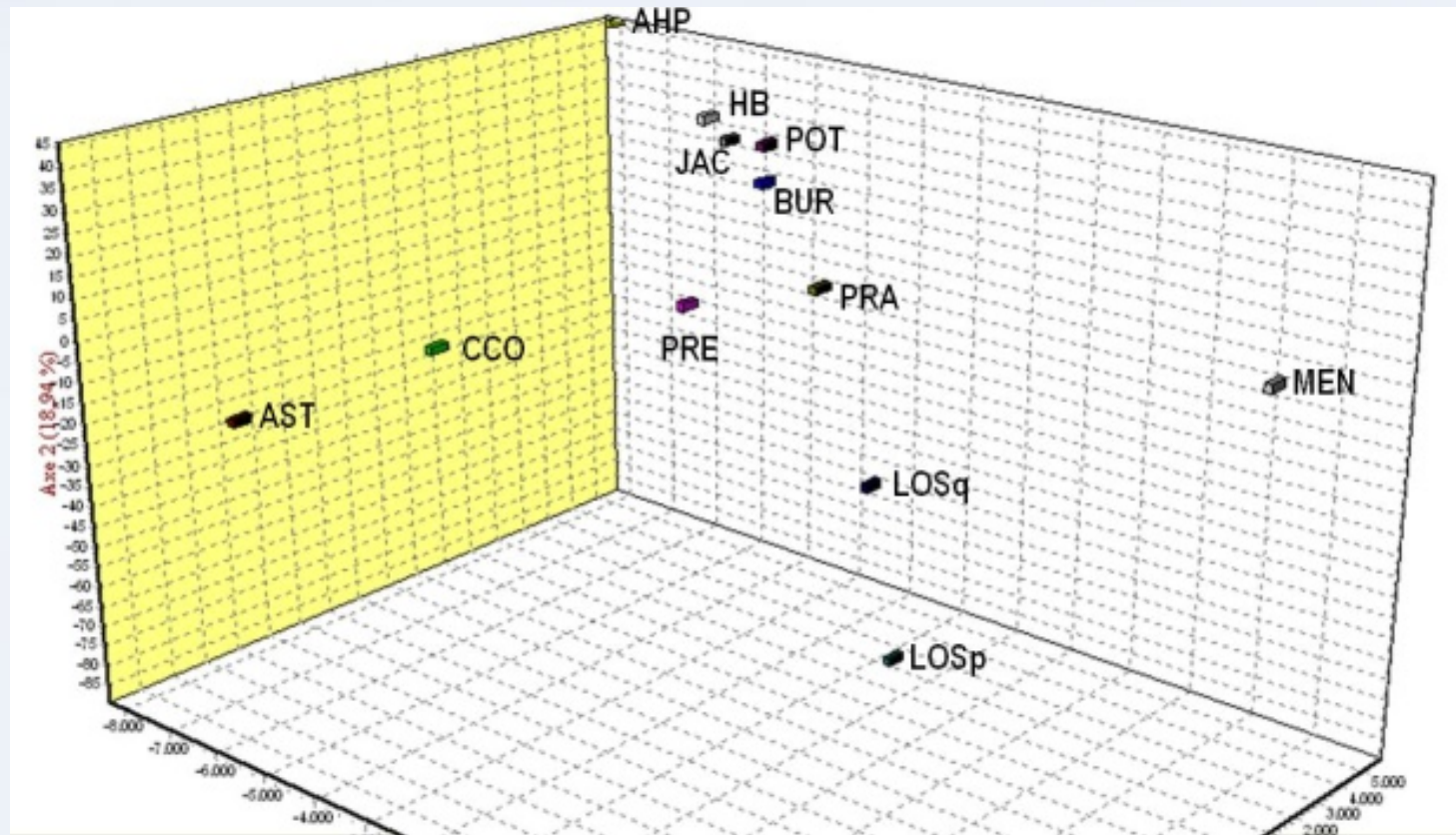
PEDRO J. AZOR ORTIZ

CONSERVACIÓN Y GESTIÓN SOSTENIBLE DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA



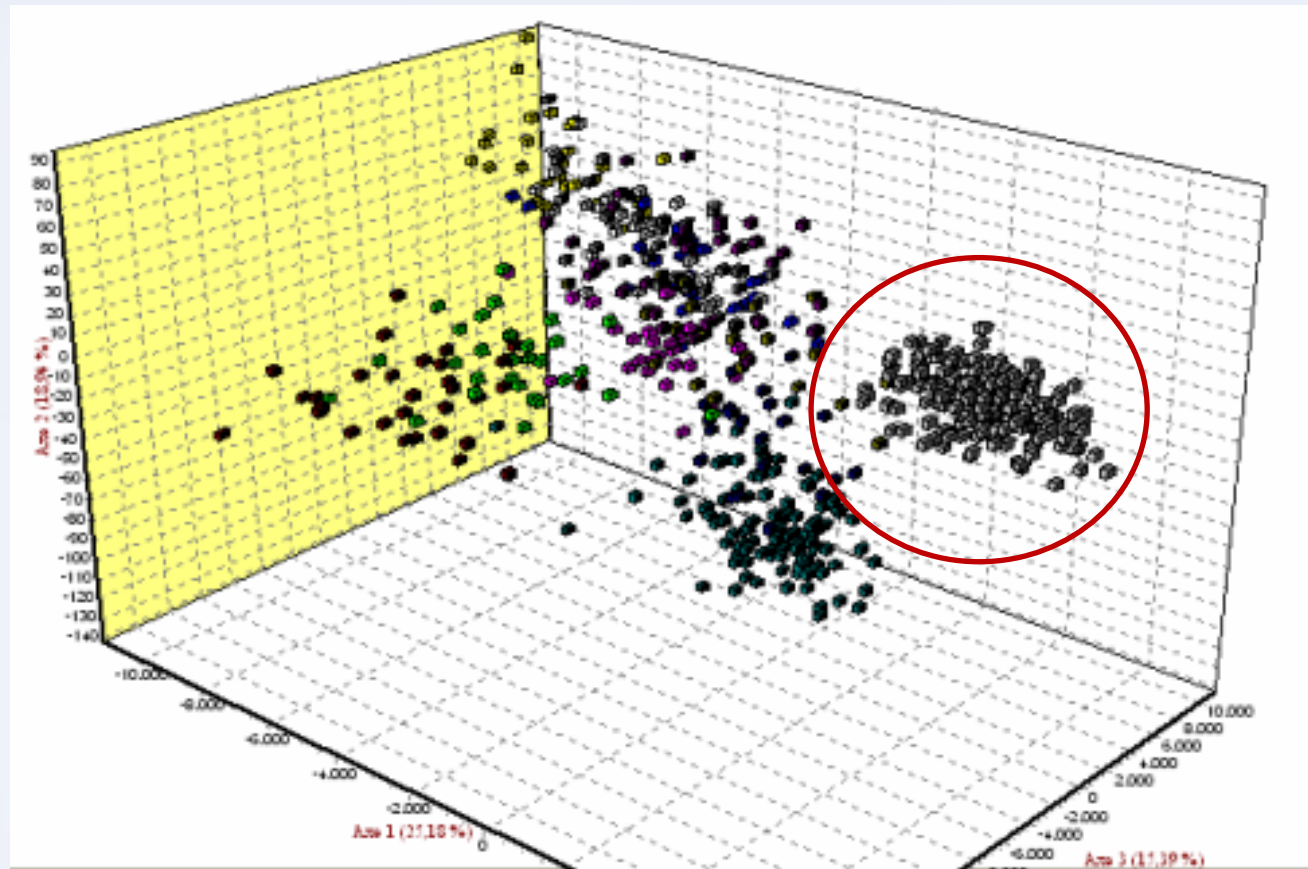
# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

NIVEL DE SIMILITUD DE LAS RAZAS.  
ANÁLISIS FACTORIAL DE CORRESPONDENCIAS



# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

NIVEL DE SIMILITUD DE LAS RAZAS.  
ANÁLISIS FACTORIAL DE CORRESPONDENCIAS

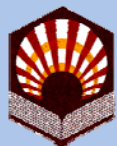


# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES



## ESTIMACIÓN DEL FLUJO GENÉTICO Y TASAS DE MIGRACIÓN ENTRE LAS RAZAS

	BUR	HB	JAC	PRE	PAN	QUI	AST	CCO	POT	PRA	MEN
AHP	3,00	5,79	4,00	1,14	1,80	2,58	1,77	2,30	2,50	1,22	1,29
BUR		17,51	15,19	2,18	2,16	4,19	2,24	3,80	8,40	1,74	2,71
HB			17,85	2,25	2,24	5,01	2,33	3,59	9,57	1,80	2,23
JAC				2,23	2,32	5,03	2,22	3,38	6,44	1,75	2,27
PRE					1,57	1,91	1,54	2,15	3,29	1,57	1,81
PAN						3,07	1,74	2,21	2,46	1,25	1,80
QUI							2,32	3,63	5,85	1,77	2,78
AST								6,03	2,72	1,32	1,97
CCO									5,12	1,84	2,68
POT										2,14	4,14
PRA											1,71



MERAGEM

PEDRO J. AZOR ORTIZ

CONSERVACIÓN Y GESTIÓN SOSTENIBLE DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA

# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES



## ESTIMACIÓN DE LAS DISTANCIAS GENÉTICAS Y REPRESENTACIÓN DE ÁRBOLES

F <sub>ST</sub>	BUR	HB	JAC	PRE	PAN	QUI	AST	CCO	POT	PRA	MEN
AHP	0,0800	0,0423	0,0607	0,1988	0,1303	0,0926	0,1320	0,1030	0,0953	0,1868	0,1772
BUR		0,0142	0,0163	0,1087	0,1096	0,0580	0,1059	0,0637	0,0293	0,1341	0,0884
HB			0,0139	0,1053	0,1057	0,0487	0,1021	0,0674	0,0258	0,1300	0,1063
JAC				0,1062	0,1022	0,0485	0,1068	0,0715	0,0381	0,1332	0,1045
PRE					0,1474	0,1227	0,1501	0,1102	0,0732	0,1477	0,1291
PAN						0,0784	0,1341	0,1073	0,0968	0,1821	0,1302
QUI							0,1022	0,0666	0,0418	0,1319	0,0861
AST								0,0406	0,0879	0,1731	0,1195
CCO									0,0476	0,1274	0,0892
POT										0,1104	0,0587
PRA											0,1364



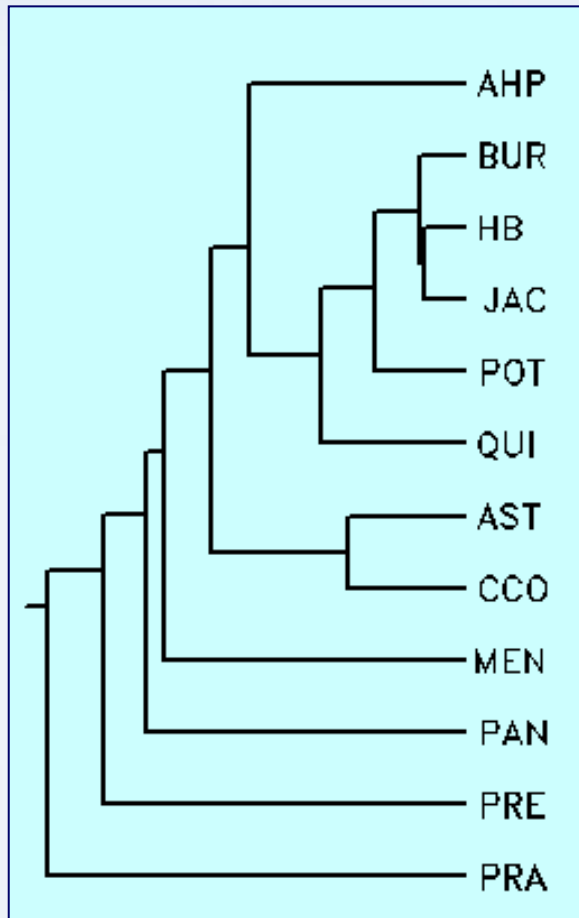
MERAGEM

PEDRO J. AZOR ORTIZ

CONSERVACIÓN Y GESTIÓN SOSTENIBLE DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA

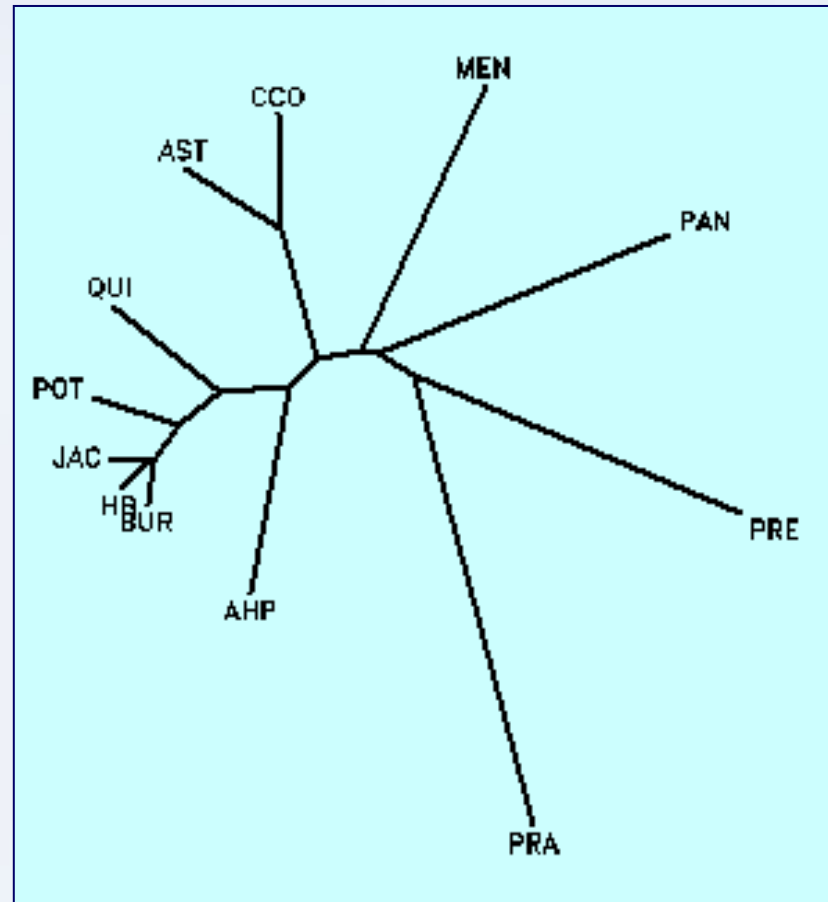
# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

## ESTIMACIÓN DE LAS DISTANCIAS GENÉTICAS Y REPRESENTACIÓN DE ÁRBOLES



# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

## ESTIMACIÓN DE LAS DISTANCIAS GENÉTICAS Y REPRESENTACIÓN DE ÁRBOLES



# CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA Y DIFERENCIACIÓN GENÉTICA CON OTRAS RAZAS EQUINAS A PARTIR DEL ANÁLISIS DEL ADN MITOCONDRIAL

Window: 1-23

Absolute Position																								
<b>1</b>	<b>Hap 1</b>	c	t	a	g	c	a	g	c	g	a	t	g	a	g	g	c	t	g	a	c	t	c	g
<b>2</b>	<b>Hap 2</b>	c	.	.	.	.	g	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<b>3</b>	<b>Hap 3</b>	t	.	.	.	.	a	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<b>4</b>	<b>Hap 4</b>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	a	.	a	.	.	c	a	g	.	.	t	a	
<b>5</b>	<b>Hap 5</b>	.	c	.	.	.	a	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	a
<b>6</b>	<b>Hap 6</b>	.	.	.	.	.	a	.	.	.	a	.	a	.	.	c	a	g	.	.	t	a		
<b>7</b>	<b>Hap 7</b>	.	.	.	.	.	a	t	a	g	.	.	.	a	t	c	.	.	.	.	.	.	.	a
<b>8</b>	<b>Hap 8</b>	.	c	g	.	t	a	.	.	c	.	g	a	.	t	c	.	.	.	.	.	.	.	
<b>9</b>	<b>Hap 9</b>	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	a
<b>10</b>	<b>Hap 10</b>	t	c	g	.	t	a	.	.	c	.	g	a	.	t	c	.	.	.	.	.	.	a	
<b>11</b>	<b>Hap 11</b>	.	c	.	a	.	a	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	a
<b>12</b>	<b>Hap 12</b>	.	.	g	.	t	a	.	.	c	a	g	a	.	t	c	.	.	.	.	.	.	a	
<b>13</b>	<b>Hap 13</b>	.	.	.	a	.	a	.	.	.	.	.	a	.	t	c	.	.	t	c	.	a		
<b>14</b>	<b>Hap 14</b>	t	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.



## CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

### CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA Y DIFERENCIACIÓN GENÉTICA CON OTRAS RAZAS EQUINAS A PARTIR DEL ANÁLISIS DEL ADN MITOCONDRIAL

Haplotipos	Nº ejemplares
Hap_1	6
Hap_2	1
Hap_3	1
Hap_4	1
Hap_5	1
Hap_6	2
Hap_7	3
Hap_8	1
Hap_9	2
Hap_10	1
Hap_11	1
Hap_12	1
Hap_13	1
Hap_14	1





## CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES

### CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA Y DIFERENCIACIÓN GENÉTICA CON OTRAS RAZAS EQUINAS A PARTIR DEL ANÁLISIS DEL ADN MITOCONDRIAL

Raza	N	Variabilidad Haplótica		Variabilidad nucleotídica				
		h	Hd	S	PIP	PNI	k	$\pi$
<b>MEN</b>	<b>23</b>	<b>14</b>	<b>0,921</b>	<b>23</b>	<b>20</b>	<b>3</b>	<b>6,308</b>	0.01577
LOS	26	14	0,915	26	21	5	6,587	0,01825
JAC	11	8	0,945	17	13	4	6,182	0,02351
BUR	10	7	0,993	21	14	7	7,917	0,01984
AHP	10	6	0,758	9	5	4	2,394	0,01516
HB	10	6	0,844	21	18	3	7,732	0,02138
POT	11	11	1,000	20	13	7	5,673	0,01554
AST	12	8	0,894	27	19	8	9,303	0,02577
CCO	13	4	0,679	11	10	1	4,128	0,01140
PRE	11	6	0,891	22	17	5	7,818	0,02260

*H: número de haplotipos, Hd: Diversidad haplotípica, S: número de sitios variables, PIP: Posiciones informativas parsimoniosas, PNI: posiciones no informativas o singletons, K: número medio de diferencias nucleotídicas,  $\pi$ : Diversidad nucleotídica*



### CONCLUSIONES

- A pesar de encontrarse actualmente en peligro de extinción la raza equina Menorquina ha presentado un nivel de variabilidad genética elevado, superior al que presentan otras razas equinas de censos semejantes o superiores. No obstante, la detección de un cuello de botella reciente, indica que es necesario monitorizar la evolución de esta variabilidad a corto plazo.
- En la actual población que compone la raza Menorquina está patente la influencia de los cuatro sementales emblemáticos utilizados aunque es necesario desarrollar este estudio con otras técnicas estadísticas para conocer si es posible y con qué grado de probabilidad se podría asignar un ejemplar de influencia desconocida a alguna de las cuatro líneas establecidas. No obstante la tendencia de la raza Menorquina es a agruparse en 10 líneas genéticas.
- La gestión genética en el ámbito del Programa de Mejora de la raza Menorquina debe tener como prioridad el mantenimiento de esta variabilidad mediante el establecimiento de un sistema de apareamientos dirigidos.



## CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA A PARTIR DE DATOS MOLECULARES



- El polimorfismo de los genes que intervienen en el color de la capa es una herramienta de gran valor hoy día para asegurar el cumplimiento del patrón racial de esta raza y también debe tenerse en cuenta en la gestión genética de la raza.
- Las estrategias para evitar la pérdida de variabilidad genética deben estar basadas en la búsqueda del mínimo parentesco entre los reproductores y el mantenimiento de la máxima variabilidad poblacional (diseño de acoplamientos, y utilización de ponderada de los animales) y la promoción deportiva de la raza.
- Finalmente y como conclusión que resume a todas las anteriores, podemos decir que la aplicación de técnicas de genética molecular es fundamental para la gestión genética de esta raza equina, ya que a pesar de su elevado coste, permite el seguimiento de la variabilidad genética retenida y la toma de decisiones, que optimicen la conservación de la variabilidad genética en el marco del Programa de Mejora.



MERAGEM

PEDRO J. AZOR ORTIZ

CONSERVACIÓN Y GESTIÓN SOSTENIBLE DE LA RAZA EQUINA MENORQUINA