Referencia: AGL2004-00103

MINISTERIO DE EDUCACIÓN Y CIENCIA

DIRECCIÓN GENERAL DE INVESTIGACIÓN

PROYECTOS I+D, ACCIONES ESTRATÉGICAS Y ERANETS

INFORME FINAL

Investigador Principal	Miguel Pérez Enciso
Título del Proyecto:	Huella de la selección, desequilibrio de ligamiento y mapeo ultrafino en la especie porcina (AGL2004-00103/GAN)
Organismo:	Universitat Autònoma Barcelona
Centro:	Facultad de Veterinaria
Departamento:	Ciencia Animal y de los Alimentos
Fecha de inicio del proyecto:	Fecha de inicio del proyecto: 13/12/2004
Fecha de finalización del proyecto:	Fecha de finalización del proyecto: 13/12/2007

Fecha: 27 marzo 2008

Ilmo. Sr. Subdirector General de Proyectos de Investigación
C/ALBACETE 5. 28071 MADRID.

A. MEMORIA. Resumen de las actividades realizadas y de los resultados del proyecto en relación con los objetivos propuestos (máximo 2.000 palabras).

Destaque su relevancia científica y/o su interés tecnológico.

En el caso de haber obtenido resultados no previstos inicialmente, indique su relevancia para el proyecto.

En caso de resultados fallidos, indíquense las causas.

La idea original del proyecto era estudiar cómo la domesticación y la selección moderna han afectado la variabilidad nucleotídica en genes potencialmente importantes en caracteres de interés económico. Este proyecto se empezó a gestar hace cuatro años; desde entonces, el concepto de *selection footprint* se ha hecho muy popular, primero en la especie humana y, más recientemente, en las especies domésticas. Asimismo, el estudio de la domesticación a nivel molecular es un tema muy activo de investigación.

Nuestro trabajo se ha centrado en varias regiones, tal como estaba previsto. Hemos estudiado diversos genes candidatos del cromosoma 4, donde reside un QTL de gran efecto, como son los FABPs (Ojeda et al., 2006, 2008 en prensa; Estellé et al. 2005). Hemos descubierto que el patrón de variabilidad es muy distinto del esperado, no se encuentra relación entre geografía y estructura haplotípica, al contrario que en el ADNmt. Asimismo, la presencia de bloques de haplotipos es más que circunstancial y no parece relevante, al menos cuando se consideran diversas razas conjuntamente. El hecho de que haya un intercambio frecuente de genes entre razas hace que sea muy difícil establecer una relación entre haplotipos y razas (Ojeda et al. 2008). Este es un resultado con aplicaciones prácticas importantes, puesto que el diseño y efectividad de los estudios de asociación dependen de la estructura del desequilibrio de ligamiento.

También hemos estudiado en detalle la variabilidad nucelotídica en 27kb alrededor de una mutación causal en el gen IGF2 que aumenta el porcentaje de magro en 400 animales domésticos y salvajes alrededor del mundo (Ojeda et al 2008). En este trabajo, el primero en su tipo en porcino, mostramos cómo la comparación de las distintas razas permite seguir el proceso temporal de la selección y cómo el haplotipo seleccionado desplaza a los 'nativos'. A pesar de ello, no se observa globalmente una disminución en la variabilidad en las poblaciones domésticas. Esto es así porque la pérdidad de variabilidad se compensa con la introgresión de razas Asiáticas. La mayor variabilidad se encuentra en Asia, que es donde se originó la especie *Sus scrofa*.

Hemos asimismo secuenciado unas 3 kb de diversos genes del cromosoma Y, descubriendo 15 SNPs y un nivel de diversidad nucleotídica $\pi = 0.002$, mucho más elevado de lo observado en otras especies. De nuevo, las poblaciones asiáticas fueron mucho más variables que las europeas. Este trabajo fue llevado a cabo principalmente por dos investigadores del grupo pero externos al proyecto (Marcel Amills y Oscar Ramírez) y se está redactando un primer manuscrito.

Nuestro objetivo como grupo de investigación es combinar aspectos teórico / computacionales con experimentales. Desde este primer punto de vista hemos desarrollado programas para la gestión de polimorfismos (Pérez-Enciso et al 2005), para el análisis de epistasias complejas con SNPs (Pérez-Enciso et al 2006) y para el análisis de datos de genética genómica, esto es, para la búsqueda de QTL de niveles de expresión (Pérez-Enciso et al, 2007).

Finalmente, y en transición con el nuevo proyecto AGL2007-65563-C02-01/GAN, hemos sacrificado 27 animales de 5 razas y extraído en condiciones idóneas muestras de 30 tejidos. El objetivo es estudiar la influencia de la raza y el sexo sobre la expresión en diversos tejidos mediante microarrays. Un trabajo acaba de ser aceptado en BMC genomics (Ferraz et al, 2008).

Comentarios y sugerencias

- 1 -

No puedo sino agradecer la ayuda tan generosa que el Ministerio presta a mi investigación. Se me ocurren, sin embargo, algunas ideas para mejorar la efectividad del programa del MEC.

- Es deseable un calendario fijo de convocatorias con un término fijado para su resolución. En la práctica, se incumplen ambos.
- Es disminuir la efectividad del programa de formació de becarios adscritos a proyecto poner restricciones sobre, por ejemplo, una fecha límite para haber obtenido la licenciatura. En mi opinión, se debería dejar esta postestad al investigador responsable. En la práctica, el becario se incorpora un año después de haber comenzado el proyecto, con el perjuicio que eso supone.
- Debería haber un acuerdo claro con las instituciones receptoras de los costes indirectos. En la UAB, por ejemplo, nos es imposible comprar pequeño material de oficina o cargar costes de trasnferencias bancarias. Entiendo que la asignación de un pequeño porcentaje de los coste sin directos como de libre disposición facilitaría el trabajo diario.

B. RESULTADOS MÁS RELEVANTES ALCANZADOS EN EL PROYECTO (máximo 60 palabras).

Dentro de los logros del proyecto señalados en el apartado anterior, reseñe los más relevantes hasta un máximo de tres.

- Hemos demostrado que la especie porcina puede mantener muy altos niveles de diversidad nucleotídica, incluso a veces en poblaciones consanguíneas (Ojeda et al. 2006). Esta observación se extiende también al cromosoma Y (resultados no publicados).

- Hemos demostrado que la domesticación no implica necesariamente una disminución de la variabilidad genética (Ojeda et al, 2006, 2008).

- Hemos propuesto un nuevo paradigma para analizar datos de genética genómica (Pérez-Enciso et al. 2007, highly accessed).

C. RESUMEN DE LOS RESULTADOS DEL PROYECTO.

C1. Formación del personal	Nº			
Personal formado	(1)			
Personal formado o en formación que se ha transferido al sector industrial:				
Doctores ( ) Titulados Superiores	( )	Técnicos	( )	
C2. Tesis doctorales	( )			
C3. Artículos científicos en revistas	(0)	nacionales	(10)	internacionales
C4. Artículos de divulgación en revistas	(1)	nacionales	( )	internacionales
C5. Artículos de revisión en revistas	( )	nacionales	(1)	internacionales
C6. Libros, capítulos de libros y monografías	(1)	nacionales	( )	internacionales
C7. Conferencias en congresos (por invitación)	(2)	nacionales	(4)	internacionales

C8. Patentes y otros títulos de propiedad ( ) registrados ( ) en explotaciónindustrial ( ) España ( ) extranjero

C1. FORMACIÓN DE PERSONAL EN EL PROYECTO, describir brevemente.

Tesis doctoral de Ana Ojeda (en curso de realización)
Visita de dos estudiantes brasileños (André Ferraz y Luis Fernando Batista) de uno y medio año respectivamente en formación PhD en su país.
Visita de una estudiante de la U. de Córdoba (G. Esteso) de tres meses durante su formación PhD

C2. TESIS DOCTORALES REALIZADAS TOTAL O PARCIALMENTE EN EL PROYECTO
Indicar: Título, nombre del doctorado, Universidad, Facultad o Escuela, fecha de comienzo, fecha de lectura, calificación y director.

Ana Ojeda. Domestication, Modern Breeding and Nucleotide Diversity in the Pig. Fecha prevista: 2009.

C3. ARTÍCULOS CIENTÍFICOS EN REVISTAS
Indicar: Autor(es), título, referencia de la publicación, **(adjuntar en formato digital la primera página y aquella en la que se mencione a las entidades financiadoras del proyecto)**

Artículos principales: Metodológicos

Pérez-Enciso E, P. Gómez García-Bernal, M Pérez-Enciso. 2005. ATLAS: a Java based tool for managing genotypes. 2005. J Hered, 96:623-625.
Pérez-Enciso, M. 2006. Multiple Association Analysis via Simulated Annealing (MASSA). Bioinformatics 22: 573-580.
Pérez-Enciso M, Quevedo JR, Bahamonde A, 2007. Genetical genomics: use all data. BMC Genomics, 8:69. Highly accessed.

Artículos principales: Experimentales

Ojeda, A., Rozas, J., Folch, JM, Pérez-Enciso, M. 2006. Unexpected high polymorphism at FABP4 gene unveils a complex history for pig populations. Genetics, 174:2119-2127
Ojeda A., L.-S. Huang J. Ren, A. Angiolillo, I.-C.Cho, H. Soto, C. Lemús-Flores, S.M. Makuza, J.M. Folch, M. Pérez-Enciso. Selection in the making: A Worldwide Survey of Haplotypic Diversity around a Causative Mutation in Porcine IGF2. Genetics. In press.
Ferraz ALJ, A Ojeda, M López-Béjar, L T. Fernandes, A Castelló, J M. Folch, M Pérez-Enciso 2008 Transcriptome architecture across tissues in the pig. BMC genomics, accepted
Ojeda, A., Estellé, J, Folch, JM, Pérez-Enciso, M. 2008. Nucleotide variability and linkage disequilibrium pattern at porcine FABP5 gene. Anim Genet, accepted.

Artículos secundarios a este proyecto

Esteso G., J. Estellé, M. Pérez-Enciso. 2005. Assignment of *RAD51C* gene to porcine chromosome 12 and identification of intronic variability. Anim Genet. 36:461-462..
Mercadé, A., M. Pérez-Enciso, L. Varona, E. Alves, J. L. Noguera, A. Sánchez, J. M. Folch. 2006. Adipocyte fatty-acid binding protein is closely associated to the porcine *FAT1* locus on chromosome 4. J. Anim Sci, 83: 2723-2728
Estellé, J, M. Pérez-Enciso, A. Mercadé, L. Varona, E. Alves, A. Sánchez, and J. M. Folch. Characterization of the porcine *FABP5* gene and its association with the *FAT1* locus in an Iberian by Landrace cross. Animal Genetics, 37:589-591.

Journal of Heredity 2005:96(5):623–625
doi:10.1093/jhered/esi099
Advance Access publication August 31, 2005

Atlas: A Java-Based Tool for Managing Genotypes

E. PÉREZ-ENCISO, P. G. GARCÍA-BERNAL, AND M. PÉREZ-ENCISO

From BSD Devices – AGB, Paseo del Rey 10, 28008 Madrid, Spain (E. Pérez-Enciso and García-Bernal); Institut Catalá de Reçerca i Estudis Avançats, Pg Lluis Companys 23, 08010 Barcelona, Spain (M. Pérez-Enciso); and Departament de Ciència Animal i del Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain (M. Pérez-Enciso).

Address correspondence to Miguel Pérez-Enciso, Departament de Ciència Animal i del Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain, or e-mail: miguel.perez@uab.es.

With the exponential increase in genotyping capability, it is fundamental to check data consistency and improve genotype management. Atlas is a Java-based application for managing genotypes that also provides a series of tools useful in traceability, parentage testing, and identification, as well as pedigree and marker visualization.

Acknowledgments

This work was funded by Ministerio de Educación y Ciencia grants AGL2004-00103/GAN and AGL2004-08378-C02 (Spain). We are grateful to Armand Sánchez for encouragement and N. Jiménez, A. Tomás, A. Molina, O. Ruiz, F. Rendo, and A. Estonba for testing the program and comments.

Genetics and population analysis

Multiple association analysis via simulated annealing (MASSA)

M. Pérez-Enciso[1,2]

[1]Institut Catalá de Reçerca i Estudis Avançats, Pg Lluis Companys 23, 08010 Barcelona, Spain and
[2]Departament de Ciència Animal i del Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain

Received on October 20, 2005; revised on January 5, 2006; accepted on January 9, 2006
Advance Access publication January 12, 2006
Associate Editor: Frank Dudbridge

ABSTRACT

Summary: Genome-wide association studies are now technically feasible and likely to become a fundamental tool in unraveling the ultimate genetic basis of complex traits. However, new statistical and computational methods need to be developed to extract the maximum information in a realistic computing time. Here we propose a new method for multiple association analysis via simulated annealing that allows for epistasis and any number of markers. It consists of finding the model with lowest Bayesian information criterion using simulated annealing. The data are described by means of a mixed model and new alternative models are proposed using a set of rules, e.g. new sites can be added (or deleted), or new epistatic interactions can be included between existing genetic factors. The method is illustrated with simulated and real data.

Availability: An executable version of the program (MASSA) running under the Linux OS is freely available, together with documentation, at http://www.icrea.es/pag.asp?id=Miguel.Perez

Contact: miguel.perez@uab.es

(Ritchie *et al.*, 2001) was developed for seeking high order interactions; nonetheless, this approach is unpractical unless the number of markers is very small. Lin *et al.* (2004a) proposed an exhaustive transmission disequilibrium test that enumerates all contiguous haplotypes of all possible sizes for a set of polymorphisms, but the method is limited to contiguous haplotypes, i.e. neither epistasis nor more than one causal mutation are considered.

ACKNOWLEDGEMENTS

The author is grateful to Santiago Elena, Rob Williams, Rachel Brem and Dave Cutler and their co-workers for sharing their data and software, with special thanks to Santiago Elena for comments and discussions. The author is also indebted to Jesús Fernández for guidelines about the simulated annealing procedure, and to the referees for their valuable suggestions. Work funded by grants AGL2004-00103GAN and Acción especial en genómica y proteómica GEN2003-20658 (Ministerio de Educación y Ciencia, Spain). Part of these simulations were carried out at the supercomputing facilities of CESCA (Barcelona, Spain).

Conflict of Interest: none declared.

Research article

Open Access

Genetical genomics: use all data

Miguel Pérez-Enciso*[1,2], José R Quevedo[3] and Antonio Bahamonde[3]

Address: [1]Departament of Food and Animal Science, Veterinary School, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain, [2]Institut Català de Recerca i Estudis Avançats, 08010 Barcelona, Spain and [3]Artificial Intelligence Center, University of Oviedo at Cijón, 33271 Cijón, Spain

Email: Miguel Pérez-Enciso* - miguel.perez@uab.es; José R Quevedo - quevedo@aic.uniovi.es; Antonio Bahamonde - antonio@aic.uniovi.es

* Corresponding author

Published: 12 March 2007

BMC Genomics 2007, 8:69 doi:10.1186/1471-2164-8-69

Received: 14 November 2006
Accepted: 12 March 2007

This article is available from: http://www.biomedcentral.com/1471-2164/8/69

© 2007 Pérez-Enciso et al; licensee BioMed Central Ltd.
This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (http://creativecommons.org/licenses/by/2.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

Abstract

Background: Genetical genomics is a very powerful tool to elucidate the basis of complex traits and disease susceptibility. Despite its relevance, however, statistical modeling of expression quantitative trait loci (eQTL) has not received the attention it deserves. Based on two reasonable assertions (i) a good model should consider all available variables as potential effects, and (ii) gene expressions are highly interconnected, we suggest that an eQTL model should consider the rest of expression levels as potential regressors, in addition to the markers.

Results: It is shown that power can be increased with this strategy. We also show, using classical statistical and support vector machines techniques in a reanalysis of public data, that the external transcripts, i.e., transcripts other than the one being analysed, explain on average much more variability than the markers themselves. The presence of eQTL hotspots is reassessed in the light of these results.

Conclusion: Model choice is a critical yet neglected issue in genetical genomics studies. Although we are far from having a general strategy for model choice in this area, we can at least propose that any transcript level is scanned not only for the markers genotyped but also for the rest of gene expression levels. Some sort of stepwise regression strategy can be used to select the final model.

Acknowledgements

We thank the authors Chesler and colleagues, especially Rob W. Williams, for making their data publicly available. We are also grateful to the referees for their suggestions. Work funded by grants AGL2004-0103, GEN2003-20658 and TIN2005-08288 (Ministry of Education, Spain).

Copyright © 2006 by the Genetics Society of America
DOI: 10.1534/genetics.106.063057

Unexpected High Polymorphism at the FABP4 Gene Unveils a Complex History for Pig Populations

Ana Ojeda,* Julio Rozas,† Josep M. Folch* and Miguel Pérez-Enciso*,‡,1

**Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain, †Departament de Genètica, Universitat de Barcelona, 08071 Barcelona, Spain and ‡Institut Català de Recerca i Estudis Avançats, 08010 Barcelona, Spain*

Manuscript received July 7, 2006
Accepted for publication October 9, 2006

ABSTRACT

Fatty acid bing protein 4 (FABP4) plays a key role in fat regulation in mammals and is a strong positional candidate gene for the FAT1 quantitative trait locus located on porcine chromosome 4. DNA resequencing of the FABP4 gene region in 23 pigs from 10 breeds and wild boar revealed 134 variants in 6.4 kb, representing a silent nucleotide diversity of $\pi_S = 0.01$, much higher than reported so far in animal domestic species. Moreover, this diversity was highly structured. Also strikingly, the FABP4 phylogenetic tree did not show any geographical or breed origin clustering, with distant breeds sharing similar haplotypes and some of the most heterozygous samples pertaining to highly inbred animals like Iberian Guadyerbas (inbreeding coefficient ~0.3) or British Tamworth. In contrast, the cytochrome b (mtDNA) phylogenetic tree was coherent with geographical origin. The estimated age of the most recent common ancestor for the most divergent Iberian or Tamworth haplotypes was much older than domestication. An additional panel of 100 pigs from 8 different breeds and wild boar from Spain, Tunisia, Sardinia, and Japan was genotyped for seven selected single nucleotide polymorphisms and shows that high variability at the porcine FABP4 is the rule rather than the exception. Pig populations, even highly inbred, can maintain high levels of variability for surprisingly long periods of time.

We thank Anna Mercadé and Jordi Estellé for help with genotyping and Maribel Merchán for help with sequence editing. We are extremely grateful to all persons and institutions who generously provided samples: L. Silió, M. C. Rodríguez (Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias, Madrid), C. Talavera, E. Martínez (Madrid's zoo), M. Cumbreras (Diputación de Huelva), J. Jaume (Institut de Biologia Animal de Balears), Erik v Eckhardt (Sweden), N. Okumura (STAFF Institute, Japan), C. Lemús (Universidad Autónoma de Nayarit, Mexico), R. Alonso (Universidad Nacional Autónoma de México, Mexico), J. Reixach (Batallé, Spain), E. González (Seporsa, Spain), O. Vidal (Universitat de Girona), A. Angiolillo, S. Casu (Italy), C. Renard, J. P. Bidanel (INRA, France), P. Conde (Kubus, Spain), J. L. Noguera (Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries, Spain), J. A. Barbosa (Cooperativa Guissona), Dehesón del Encinar (Junta de Castilla-La Mancha), and Copaga. We bought semen from Semen Cardona, Semen Porcino Andalucía (Spain), and Deerpark pigs (Northern Ireland). We also thank one referee for insightful comments. A.O. holds a Ph.D. fellowship from Ministerio de Educación y Ciencia (Ministerio de Educación y Ciencia), Spain. This work was funded by grants AFG2004-0103/GAN and BFU2004-02253 (MEC, Spain).

Copyright © 2008 by the Genetics Society of America
DOI: 10.1534/genetics.107.084269

Selection in the Making: A Worldwide Survey of Haplotypic Diversity Around a Causative Mutation in Porcine *IGF2*

A. Ojeda,* L.-S. Huang,† J. Ren,† A. Angiolillo,‡ I.-C. Cho,§ H. Soto, C. Lemús-Flores,†† S. M. Makuza,‡‡ J. M. Folch* and M. Pérez-Enciso*,§§,1**

**Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain, †Key Laboratory for Animal Biotechnology of Jiangxi Province and the Ministry of Agriculture of China, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China, ‡Dipartimento di Scienze e Tecnologie per l'Ambiente e il Territorio, Facoltà di Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali, Università del Molise, 86090 Pesche, Italy, §Division of Livestock, National Institute of Subtropical Agriculture, R.D.A., 1756, O-Deung Dong, Jeju, 690-150, South Korea, **Facultad de Ciencias Agroalimentarias, Universidad de Costa Rica, San Pedro, Costa Rica, ††Universidad Autónoma de Nayarit, 63155 Tepic, Mexico, ‡‡Department of Animal Science, University of Zimbabwe, MP167, Mount Pleasant, Harare, Zimbabwe and §§Institut Català de Recerca i Estudis Avançats (ICREA), 08010 Barcelona, Spain*

Manuscript received November 7, 2007
Accepted for publication January 9, 2008

Thanks go to J. Rozas, S. Ramos-Onsins, and J. vand der Made for comments and discussions. We thank the following persons and institutions for samples: L. Silió and M. C. Valdovinos (Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias, Spain), E. Martínez (Madrid Zoo), N. Okumura (Society for the Techo-Innovation of Agriculture, Forestry, and Fisheries Institute, Japan), G. Rohrer (United States Department of Agriculture), Z. Bosze (Agricultural Biotechnology Center, Hungary), M. Cumbreras (Diputación de Huelva, Spain), E. von Eckardt (Sweden), M. Kovac (Slovenia), J. Reixach (Batallé, Spain), O. Hanotte (International Livestock Research Institute, Kenya), J. García-Cascos (National Center for Animal Breeding and Reproduction, Spain), G. Caja (Universitat Autònoma Barcelona, Spain), E. González (Seporsa, Spain), P. Martínez (Universidad de Santiago de Compostela, Spain), D. Vidal and C. Gortázar (Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos, Spain), S. Casu (Istituto Zootecnico e Caseario per la Sardegna, Italy), M. Lukaszewicz (Academy of Sciences, Poland), C. Renard (Institut National Recherche Agronomique, France), E. Grindflek (The Norwegian Pig Breeders Association, Norway), M. A. Revidatti (Universidad Nacional del Nordeste, Argentina), A. Clop (Genesis Faraday, UK), R. Silva (Portugal), J. W. Ma (Jiangxi Agricultural University, China), Instituto de Capacitación del Oriente (Bolivia), Veterinarios Sin Fronteras (Spain), Junta de Castilla–La Mancha (Spain), London Zoo, Copaga Sociedad Cooperative (Spain), Degesa (Spain), Semen Porcino Andalucía (Spain), Kaliningrad Zoo (Russia). MassARRAY genotyping was carried out at the Spanish National Genotyping Center (http://www.cegen.org) facilities and was subsidized by Fundación Genoma España. A.O. is the recipient of a Ph.D. grant (Ministerio de Educación y Ciencia, Spain). Work was funded by projects AGL2004-0103, AECI/5267/06 (Spain), and the National Natural Science Foundation of China (grant 30425045).

Assignment of *RAD51C* to porcine chromosome 12 and identification of intronic variability

G. Esteso*†, J. Estellé* and M. Pérez-Enciso*‡

*Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain. †Permanent address: Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, Spain. ‡Institut Català de Recerca i Estudis Avançats (ICREA), 08010 Barcelona, Spain

Accepted for publication 12 June 2005

Description: DNA repair protein RAD51 homologue 3 of *Saccharomyces cerevisiae* (RAD51C) is involved in the recombinational repair of damaged DNA and in meiotic recombination. This gene is necessary for successful branch migration and resolution of the Holliday junction during the meiotic process.[1] It might also have a role in breast cancer in humans, as overexpression has been reported during tumour progression.[2]

Primer sequences: RAD51Ce1-F: 5′-CAGGTTTCCAGACTGCTGAGGA -3′
RAD51Ce2-R: 5′-TTTTCCAACACCTGGTGCACC -3′
RAD51C-RHMAPF: 5′-GGTTTGAATGGATAGAACTGCGG-3′
RAD51C-RHMAPR: 5′-CCAAACCCGGCTCCATAACTT-3′

Nucleotide sequence: Pig genomic DNA was isolated from blood using a phenol–chloroform extraction. Primers RAD51Ce1-F

Radiation hybrid mapping: Radiation hybrid mapping was performed with the INRA-Minnesota porcine radiation hybrid panel (IMpRH).[3] Pig-specific primers (RAD51C-RHMAPF and RAD51C-RHMAPR) were designed using the genomic DNA sequence reported above (GenBank accession no. DQ077161) to obtain a 205-bp PCR amplicon. The PCR mixture contained 2.0 mM $MgCl_2$, 5 mM dNTP, 10 μM of each primer, 25 ng genomic DNA and 0.6 U Amplitaq Gold DNA Polymerase (Applied Biosystems) in a final volume of 12.5 μl. The thermal profile was 95 °C for 10 min and 35 cycles of 95 °C for 30 s, 60 °C for 1 min and 72 °C for 30 s, and a final step of 5 min at 72 °C. Using the IMpRH mapping tool,[4] the porcine *RAD51C* gene was linked to *S0090* (29 cR, LOD = 13.8), mapping between this microsatellite and *SW1956* on porcine chromosome 12. This assignment is in agreement with the comparative map between pig and human (17q22–23, http://www.ag.unr.edu/beattie/research/first_generation.htm).

Polymorphism identification: We resequenced one individual from each of five porcine breeds (Iberian, Duroc, Landrace, Large White and Vietnamese), one Spanish wild boar and one Babyrusa (*Babyrousa babyrussa*) using primers RAD51Ce1-F and RAD51C-RHMAPR (GenBank accession nos DQ077162-DQ077168). Fragments were aligned with Multalin software.[5] A single nucleotide difference was identified within *Sus scrofa* at position 249, with Babyrusa and Large White being homozygous A/A, the Landrace individual being heterozygous G/A and

© 2005 International Society for Animal Genetics,

Adipocyte fatty-acid binding protein is closely associated to the porcine *FAT1* locus on chromosome 4[1]

A. Mercadé,*[2] M. Pérez-Enciso,†* L. Varona,‡ E. Alves,§ J. L. Noguera,† A. Sánchez,* and J. M. Folch*

*Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193, Bellaterra, Spain; †Institut Català de Recerca i Estudis Avançats, 08010, Barcelona, Spain; ‡Àrea de Producció Animal, Centre UdL-IRTA, 25198, Lleida, Spain; §Departamento de Mejora Genética Animal SGIT-INIA, 28040, Madrid, Spain

ABSTRACT: We identified 22 polymorphisms in the adipocyte fatty-acid binding protein (*FABP4*) gene, a strong positional candidate gene for the *FAT1* locus in porcine chromosome 4. The most informative polymorphism, an insertion/deletion in intron 1, together with a single nucleotide polymorphism in intron 3, was genotyped in a cross between Iberian and Landrace pigs. After performing QTL, single marker, and haplotype analyses, we showed that there were at least 2 quantitative trait genes in the *FAT1* region and that the *FABP4* polymorphism was tightly associated to fatness. A comparison of allelic frequencies in a panel of pig breeds suggested that the *Del2634C* polymorphism was under indirect selection. We also showed that *FABP4* is tightly associated to fatness but not growth. Furthermore, a haplotype analysis suggests that there is genetic heterogeneity at the *FAT1* locus within the Landrace breed.

Key words: *FABP4*, *FAT1*, fatness, pig, QTL

[1]In addition to the IBMAP cross, carried out in Nova Genètica facilities (Lleida, Spain), many people and institutions provided samples: we would like to thank specially C. Talavera (Madrid's zoo), Copaga, L. Silió (Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias), E. v Eckhardt, C. Renard (Institut National de la Recherche Agronomique), M. Cumbreras (Diputación de Huelva), A. Angiolillo, J. Garrido and Diputación de Córdoba, Paulino Martínez, J. Jaume (Instituto de Biología Animal de Baleares), and Associació de Criadors del Porc Negre, C. Lemús (Mexico), and E. Grinflek (Norway). A. Mercadé is funded by a Formació Personal Investigador (FI) fellowship from the Generalitat de Catalunya. Work funded by INIA acción especial (CPE03-010-C3) and in part by grant AGF2004-00103/GAN (Ministerio de Educación y Ciencia, Spain).

[2]Corresponding author: Anna.mercader@uab.es

Received November 15, 2005.
Accepted May 22, 2006.

SHORT COMMUNICATION doi:10.1111/j.1365-2052.2006.01535.x

Characterization of the porcine *FABP5* gene and its association with the *FAT1* QTL in an Iberian by Landrace cross

J. Estellé[*], M. Pérez-Enciso[*,†], A. Mercadé[*], L. Varona[‡], E. Alves[§], A. Sánchez[*] and J. M. Folch[*]

[*]Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193, Bellaterra, Spain. [†]Institut Català de Recerca i Estudis Avançats, 08010, Barcelona, Spain. [‡]Àrea de Producció Animal, Centre UdL-IRTA, 25198, Lleida, Spain. [§]Departamento de Mejora Animal SGIT-INIA, Madrid, 28040, Spain

Summary

We have characterized and mapped the porcine *fatty acid binding protein 5, epidermal* (*FABP5*) gene. According to linkage and RH mapping, this gene is located close to the *FABP4* (*fatty acid binding protein 4, adipocyte*) gene on swine chromosome 4. We resequenced 4.7 kb of the *FABP5* gene in the parental population of an Iberian × Landrace cross (IBMAP), identifying seven SNPs arranged in two distinct *FABP5* haplotypes. QTL and association analyses in the IBMAP population showed that this gene is strongly associated with fat deposition. QTL and haplotype analysis revealed that both *FABP4* and *FABP5* (clustered in mammals) are major candidate genes for the *FAT1* QTL; the most likely position for the *FAT1* QTL is between these two genes. Finally, our results suggest the presence of more than one QTL affecting fatness traits on porcine chromosome 4.

Keywords fatness, fatty acid binding protein, pig, QTL.

Acknowledgements

The work was funded by grants INIA acción especial (CPE03-010-C3) and AGF2004-00103/GAN (Ministerio de Educación y Ciencia, Spain). We are grateful to M. Yerle and D. Milan (INRA, France) for the RH Pannel. J. Estellé is a recipient of a FPU grant from the Spanish Ministerio de Educación y Ciencia.

C4. ARTÍCULOS DE DIVULGACIÓN EN REVISTAS

Indicar: Autor(es), título, referencia de la publicación.

Los genes del cerdo Ibérico. El País 8 junio 2005

Adobe Acrobat Professional - [2005_ElPais.pdf]

Archivo Edición Ver Documento Comentarios Herramientas Avanzadas Ventana Ayuda

Buscar Crear PDF Comentario y marca Enviar para revisar Proteger Firmar Formularios

Seleccionar Buscar: Anterior Siguiente 97% Ayuda

Marcadores Firmas Páginas Árbol modelo Archivos adjuntos Comentarios

APOBEC interaction. Centro de Biología Molecular Severo Ochoa. Información: ☎91 497 84 60.

● **Ornitología**
Madrid, 11 y 12 junio. Curso de iniciación a la ornitología. Organizan La Casa Encendida y SEO/Birdlife. Información: ☎915 063 875.

● **Física**
Múnich, 12 a 17 de junio. Congreso sobre Láseres, Electroóptica y Electrónica Cuántica *Cleo/Europe- Eqec 2005*. International Congress Centre. Información: www.eps.org.
Perugia, 12 a 14 de junio. Congreso *Neutron Brillouin Scattering*. Hotel Gió. Información: neutron.neutron-eu.net/.

● **Terapia celular**
Barcelona, 13 de junio. 13.00. Conferencia de Luigi Naldini: *Stem cell gene transfer with lentiviral vectors*. Hospital Vall d´ Hebron. Sala de actos del Área General. Planta 10. Información: ☎93 489 40 07.

● **Astronomía**
Alcobendas, 28 de junio a 6 de julio. Curso *Introducción a la astronomía y astrofísica*. Cosmocaixa. Pintor Velázquez s/n. Información: ☎91 484 52 27.

● **Historia**
La Fundación Esquerdo convoca la beca Roberto Fernández de Caleya en la Residencia de Estudiantes (Madrid) para investigadores en proyectos de historia de la ciencia o de la medicina. El plazo termina el 30 de junio. Información: ☎91 509 19 09 o 91 563 64 11.

de Willendorf y el hacha Excalibur, también de Atapuerca.
"La evolución no es un camino para llegar a nosotros", recuerda Ramón Núñez, director

la pinza que hacemos con el pulgar, la dieta omnívora o la tecnología. Y, para presumir, qué mejor que el visitante se haga una foto de familia con las especies

"ésta te hace pensar, esta exposición no la verás en ningún sitio, tiene un mensaje autocrítico con humor", comentó Carbonell en el acto de inauguración. Era

visión antropocéntrica", reconoció Bermúdez de Castro. "Cuando trabajamos con chimpancés nos damos cuenta de lo presumidos que somos".

Los genes del cerdo ibérico

CIRCUITO CIENTÍFICO

MIGUEL PÉREZ ENCISO

La peculiaridad y calidad de los productos del cerdo ibérico se deben a tres causas: los genes, el manejo y el proceso de curación. Los dos últimos aspectos son conocidos, pero ¿cuáles son los genes? La respuesta a esta pregunta es extremadamente compleja de resolver y nos la hemos hecho diversos investigadores en España desde hace tiempo. Es como buscar una aguja en un pajar. Afortunadamente, desde hace unos años comenzamos a tener las herramientas adecuadas para dilucidar esta apasionante cuestión.

Como consecuencia de esfuerzos similares a los del genoma humano, pero más modestos y aplicados a especies ganaderas, conocemos hoy en día una gran cantidad de marcadores genéticos, llamados microsatélites, en la especie porcina. Estos marcadores no tienen un efecto *per se*, pero sirven para discriminar si un gen es de un origen u otro.

¿Cómo podemos aplicar estas generalidades a nuestro trabajo? En este caso, la respuesta es sencilla: consiste en hacer un cruzamiento entre dos razas de animales produciendo un híbrido y, a su vez, cruzar los híbridos entre sí. Este cruce se llama F2 (porque los animales estudiados se producen en la segunda generación) y es muy popular en genética. A continuación, se trata de estudiar si la transmisión a la F2 de microsatélites de origen ibérico resultan en más o menos grasa entreverada (si ése es el carácter de interés). Si existe una asociación entre algún microsatélite de origen ibérico, podemos inferir que existe un gen en las proximidades de este marcador que está relacionado con la grasa entreverada.

Siguiendo este enfoque, diversos investigadores del Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentario catalán (IRTA), el Instituto Nacional de Investigación Agraria en Madrid (INIA) y la Universidad Autónoma de Barcelona (UAB) hemos realizado un cruce F2 entre el cerdo ibérico y otra raza europea blanca, la landrace. Tras el análisis con un centenar de marcadores de diversos caracteres de calidad y crecimiento, hemos encontrado un gran número de regiones responsables de las diferencias entre ambas razas. Esto quiere decir que las diferencias entre el ibérico y la landrace se deben a una multitud de genes, pero no que todos tengan la misma importancia.

Dos de los genes más relevantes están en los cromosomas 4 y 6 (el cerdo tiene 18 cromosomas más un par de cromosomas sexuales). En concreto, se ha visto que el receptor de la leptina, situado en el cromosoma 6, está asociado a un mayor porcentaje de grasa entreverada y a más cantidad de tocino. La leptina es la hormona responsable del apetito, tanto en hombres como en animales; según la variante del gen que se posea, un animal se saciará antes que otro. Precisamente, uno de los efectos que ha tenido la selección moderna es producir animales con poco apetito, propensos a la anorexia. Esto es debido a que el consumidor ha exigido animales cada vez más magros y, si un animal come mucho, engorda (exactamente lo mismo ocurre en la especie humana). Por tanto, los cerdos ibéricos serían más bien animales glotones, capaces de ingerir mucho alimento y de depositarlo en forma de grasa, mientras que los landrace tenderían a la anorexia.

En el cromosoma 4, un transportador de ácidos grasos se relaciona con más espesor de grasa y menor crecimiento, pero no presenta un efecto sobre grasa entreverada. Curiosamente, este gen también influye en la longitud del animal: el gen de origen ibérico resulta en animales más cortos y rechonchos que los landrace. Más aún, este gen modifica el peso del jamón y de la paleta (en porcentaje con respecto al peso total del animal). Aquí, el gen ibérico produce un animal con más porcentaje de jamón y menos de paleta. ¡Qué sabia es la naturaleza, que nos regala un animal con el máximo de jamón, a expensas de partes menos nobles, como las paletas!

Estos y otros estudios nos muestran que la influencia de los genes en la calidad de los productos ibéricos es muy compleja. Todavía queda mucho trabajo por hacer pero, poco a poco, el cerdo ibérico nos empieza a rendir alguno de sus secretos mejor guardados: el de sus genes.

Miguel Pérez Enciso es investigador ICREA asociado a la Universidad Autónoma de Barcelona.

1 (1 de 1)

Inicio EndNote ... 0_Chips1 RGui results Microsoft... Papers informe fi... Adobe A... Microsoft... 16:10

C5. ARTÍCULOS DE REVISIÓN

Indicar: Autor(es), título, referencia de la publicación, **(adjuntar primera página en formato digital).**

Pérez-Enciso, M. 2008. Emerging tools for quantitative trait loci detection. Acta Agric Scand A In press (invited review)

C6. LIBROS, CAPÍTULOS DE LIBROS Y MONOGRAFÍAS

Indicar: Autor(es), título, referencia de la publicación, **(adjuntar en formato digital portada e índice donde figure la información).**

M. Pérez-Enciso y MA Toro. 2007. Localización de genes y selección mediante marcadores moleculares. En Genética y Genómica en Acuicultura. Eds Martínez Portela y Figueras Huerta. Publicaciones del observatorio español de acuicultura. DVD.

M. Pérez-Enciso 2008. Genómica de la domesticación y mejora animales. Libro editado por el Institut d'estudis catalans en homenaje a Darwin. En preparación.

C7. CONFERENCIAS EN CONGRESOS, SIMPOSIOS Y REUNIONES (POR INVITACIÓN)

Indicar: Autor(es), nombre del congreso, lugar de celebración, año.

M. Pérez-Enciso 2004. Del QTL al gen. Reunión Nacional española de Mejora Genética Animal, Las Palmas de G Canaria. Charla invitada.

M. Pérez-Enciso. 2006. QTL software and computational challenges in the post-qtl era. Invited talk. 8th World Congress Genetics Applied Livestock Production, 13-18 August 2006. Belo Horizonte, Brasil www.wcgalp8.org.br/

MA Toro y M. Pérez-Enciso 2007. Detección y aplicación de QTLs en acuicultura. Congreso Nacional de Acuicultura. 24-28 sept. Vigo, Ponencia invitada.http://www.xicna.org

M. Pérez-Enciso and J. Estellé. 2007. QTL software and beyond. Invited talk. XI QTL and MAS meeting. Toulouse.

M. Pérez-Enciso. Sex, breed, ... and microarrays. 2008. 3rd International Symposium on Animal Functional Genomics Edinburgh 7-9 April, Invited conference. http://www.ebrc-launch.org/ISAFG/index.html

M. Pérez-Enciso, Animal domestication genomics symposium. Society for Molecular Biology and Evolution. Chairman and organizer. Barcelona 5-8 june 2008. http://smbe2008.com/sciprog.htm

C8. PATENTES Y OTROS TÍTULOS DE PROPIEDAD INDUSTRIAL
Indicar: Autor(es), título, registro, entidad titular de la patente, año, países, clase.
Indicar cuales están en explotación.

C9. OTROS RESULTADOS EXTRAORDINARIOS NO INCLUIDOS EN LOS APARTADOS ANTERIORES
Indicar Naturaleza y Autor (es). Descríbalo brevemente en un máximo de 50 palabras.

D. CARACTER DE LOS RESULTADOS DEL PROYECTO (señalar hasta dos opciones)

( ) Teóricos (x) Teórico-prácticos

(x) Prácticos ( ) De inmediata aplicación industrial

E. COLABORACIONES

E1. SI EL PROYECTO HA DADO LUGAR A COLABORACIONES CON OTROS GRUPOS DE INVESTIGACIÓN, coméntelas brevemente.

P. Chardon, INRA, Francia. Nos proveyó los BACs necesarios para secuenciar parte de los genes del cromosoma Y.

A. Bahamonde, centro de inteligencia artificial de la universidad de Oviedo, en Gijón.. Cooperación para la aplicación de técnicas de inteligencia artificical SVM para el análisis de datos de expresión.

M. López-Béjar, departamento de anatomía de la UAB, para la disección de tejidos y su posterior estudio mediante microarrays.

L. Andersson, Suecia, Uppsala. Colaboración para análisis de QTL de un experimento de pollos.

L. Schook, U. Illinois, coordinador proyecto secuenciación genoma porcino. Colaboración para la identficación de SNPs y el estudio de la domesticación.

S Rezende, EMBRAPA; Brasil. Trabajo de diversidad porcina. Curso de formación en Brasilia.

L-S Huang, JiangXi Agricultural Univeristy, China, para el estudio de la diversidad porcina china y colaboración análisis estadísticos de sus datos.

T. Reverter, CSIRO, Australia. Colaboración para análisis de datos de microarrays. Curso de formación.

E2. SI HA PARTICIPADO EN PROYECTOS DEL PROGRAMA MARCO DE I+D DE LA UE Y/O EN OTROS PROGRAMAS INTERNACIONALES EN TEMÁTICAS RELACIONADAS CON LAS DE ESTE PROYECTO, indique programa, tipo de participación y beneficios para el proyecto.

Mencione las solicitudes presentadas al Programa Marco de la UE durante la ejecución del proyecto, aunque no hayan sido aprobadas.

Proyecto no financiado en consorcio liderado por Andrea Rosatti, Roma.
Acción Internacional financiada con China, Costa Rica y Brasil (tres proyectos distintos).

F. PROYECTOS COORDINADOS [1]

Describa las actuaciones de coordinación entre subproyectos, y los resultados de dicha coordinación con relación a los objetivos globales del proyecto.

G. RELACIONES O COLABORACIONES CON DIVERSOS SECTORES

G1. SI EN EL PROYECTO HA HABIDO COLABORACIÓN CON ENTES PROMOTORES OBSERVADORES (EPO) PARTICIPANTES:

1. Describa en detalle la relación mantenida con los EPO's, y la participación concreta de éstos en el proyecto, especificando, si procede, su aportación al mismo en todos sus aspectos. (Si se ha modificado la relación y/o el apoyo del EPO, en relación con lo previsto a la aprobación del proyecto, descríbalo brevemente).

La colaboración prevista con la EPO era suministro de material genético e interés por los resultados. Ambos aspectos se han cumplido.

2. Describa, si procede, las transferencias realizadas al (los) EPO (s) de los resultados obtenidos, indicando el carácter de la transferencia y el alcance de su aplicación.

Se le ha enviado copia de los resultados científicos y se han mantenido diversas conversaciones al respecto.

3. Indique si esta colaboración ha dado lugar a la presentación de nuevos proyectos o si se tiene intención de continuarla en el futuro. En caso afirmativo, describa brevemente cómo va a concretarse.

La continuación del proyecto se centra más en el cerdo Ibérico y, por tanto, se han buscado apoyos dentro de este sector.

G2. SI EL PROYECTO HA DADO LUGAR A OTRAS COLABORACIONES CON EL ENTORNO SOCIOECONÓMICO (INDUSTRIAL, ADMINISTRATIVO, DE SERVICIOS, ETC.), NO PREVISTAS INICIALMENTE EN EL PROYECTO, descríbalas brevemente.

Colaboración con la empresa de porcino Hendrix (antes Nutreco), transferencia de resultados de SNPs.

[1] A rellenar sólo por el coordinador del proyecto.

H. GASTOS REALIZADOS

H1. GASTOS REALIZADOS EN LA ÚLTIMA ANUALIDAD

Nota: ***Debe cumplimentarse este apartado independientemente de la justificación económica enviada por el organismo.***

1.- Indique el total de gasto realizado en el proyecto:

Concepto	**Total gasto de la anualidad** (€)
Personal	0,00
Costes de ejecución	64.798,85
TOTAL GASTO REALIZADO	64.798,85

2.- Comente brevemente si ha habido algún tipo de incidencia en este apartado que desee reseñar.

H2. GASTOS REALIZADOS DURANTE TODO EL PROYECTO

Nota: ***Debe cumplimentarse este apartado independientemente de la justificación económica enviada por el organismo.***

Euros

1. Gastos de personal (indicar número de personas, situación laboral y función desempeñada)

Total ……. 0,00€

---

2. Material inventariable (describir brevemente el material adquirido)
Bibliografía, Sai salicru, Ordenador, Estación de trabajo robotizada y colector de vacío

Total 22.701,22€

---

3. Material fungible (describir brevemente el tipo de material)
Material laboratorio: placas, ADN boton, criovial, criotubo
Productos químicos: genomiphi, phenol, equil expand TM hig Fidel, polimerasa, ribopure DNA, reactivos RNA, Rnease minelute, nitrogeno.
Lechones

Total 23.875,55€

---

4. Viajes y dietas (describir brevemente)
Viajes a Holanda, Zaragoza, Gijón, Valencia, Madrid, Toulouse, París y Logroño.
A diferentes congresos: Jornadas AIDA Producción Animal, Congreso Seg 2007, XIII Reunión Mejora genética, Seeb annual meeting Barcelona 2005.

Total 7.553,13€

---

5. Otros gastos (describir brevemente)
Desarrollo Aplicación JAVA, Servicio de tratamiento de imágenes, Montage sequencing reaction clean, Licencia de programari, programa informático, análisis de SNPs al cerdo, análisis de genotipado, servicio de microarray, eliminación de residuos animales.

Total 52.870,1 €

6. Costes indirectos

	Total	4.830,00€

7. Dotación adicional o complementos salariales, si procede

	Total	0,00€

TOTAL GASTOS EJECUTADOS DEL PROYECTO €

CON ESTE INFORME DEBERÁ ADJUNTARSE:

Fotocopia de reingreso al Tesoro Público, si procede, de los fondos no utilizados.
Nota: *Debe cumplimentarse este apartado independientemente de la justificación*

I. INFORMACIÓN CORRESPONDIENTE A LA ÚLTIMA JUSTIFICACIÓN DE GASTO.

I1. PERSONAL ACTIVO EN EL PROYECTO DURANTE EL ÚLTIMO PERÍODO DE JUSTIFICACIÓN.

En el cuadro siguiente debe recogerse la situación de todo el personal del o de los Organismos participantes que haya prestado servicio en el proyecto en la anualidad que se justifica, o que no haya sido declarado anteriormente, y cuyos costes (salariales, dietas, desplazamientos, etc.), se imputen al mismo.
Si la persona estaba incluida en la solicitud original, marque "S" en la casilla correspondiente y no rellene el resto de casillas a la derecha.
Indique en la casilla "Categoría Profesional" el puesto de trabajo ocupado, el tipo de contratación: indefinida, temporal, becarios (con indicación del tipo de beca: FPI, FPU, etc.), etc.
En el campo "Función en el proyecto" indique el tipo de función/actividad realizada en el proyecto, (p. e., investigador, técnico de apoyo,…).

Recuerde que:
- En este capítulo sólo debe incluir al personal vinculado a los Organismos participantes en el proyecto. Los gastos de personal externo (colaboradores científicos, autónomos…) que haya realizado tareas para el proyecto debe ser incluido en el capítulo de "Varios".
- Las "Altas" y "Bajas" deben tramitarse de acuerdo con las "Instrucciones para el desarrollo de los proyectos de I+D" expuestas en la página web del MEC.

						Si no se ha incluido en solicitud original:		
Apellido 1	**Apellido 2**	**Nombre**	**NIF/NIE**	**Catgª Profesional**	**Incluido en solicitud original**	**Función en el proyecto**	**Fecha de Alta**	**Observaciones**
Pérez	**Enciso**	**Miguel**	**50057022Y**	**Investigador**	**x**			
Folch	Albareda	Josep M	35037591N	Investigador	x			
Francino	Martí	Olga	46222870T		x			
Chardon		Patrick	01BD3117 6	Investigador	x			
Ojeda	García	Ana	47784597G	Becaria		Investigación	1 agosto 2005	

I2. GASTOS DE EJECUCIÓN: MODIFICACIONES DE CONCEPTOS DE GASTO CON RESPECTO A LA SOLICITUD ORIGINAL PARA EL ÚLTIMO PERÍODO DE JUSTIFICACIÓN.

Recuerde que los trasvases entre gastos de personal y gastos de ejecución deben tramitarse de acuerdo con las "Instrucciones para el desarrollo de los proyectos de I+D" expuestas en la página web del MEC.

a) Equipamiento:

En el cuadro adjunto, rellene una línea por **cada equipo adquirido** incluido en la justificación de gastos y **no previsto en la solicitud inicial** que dio lugar a la concesión de la ayuda para el proyecto, y justifique brevemente su adquisición. Si se ha adquirido un equipo en sustitución de otro que figuraba en la solicitud de ayuda inicial (por mejorar sus prestaciones, por obsolescencia del anterior…), indíquelo también en la casilla correspondiente.

Identificación del equipo	Importe	Justificación adquisición	Sustituye a ...(en su caso).

b) Viajes/Dietas:

En el cuadro adjunto se justificará la imputación de gasto en viajes y dietas sólo en el caso de que este tipo de gasto **no estuviera previsto en la solicitud inicial**

c) Material fungible:

Se describirá y razonará en el siguiente cuadro la adquisición del material fungible incluido en la justificación de gastos, sólo cuando este tipo de gasto **no estuviera previsto en la solicitud original.**

d) Varios:

Se describirán en el siguiente cuadro los gastos varios más relevantes incluidos en la justificación de gastos y **no previstos en la solicitud original,** justificando brevemente su inclusión. En este apartado se incluirá, entre otros, al personal externo y, en el caso de que el gasto justificado se refiera a colaboraciones científicas, se identificará al colaborador.

FIN DEL INFORME FINAL