

GENÓMICA PARA CLASE TURISTA: UN EJEMPLO EN CERDO IBÉRICO

Rodríguez, MC¹., Benítez, R., Alves, E., Fernández, Al., Ovilo, C.

García-Casco J, Silió, L. y Barragán, C.

¹Departamento de Mejora Genética Animal, INIA, Ctra. A Coruña km 7,5, 28040 Madrid

E-mail: valdo@inia.es

INTRODUCCIÓN

Las estrategias de mejora clásica han permitido obtener cambios importantes para caracteres productivos, pero moderados o pequeños para caracteres reproductivos y de calidad en cerdos. En las últimas décadas, uno de los objetivos principales en genética animal ha sido la identificación de los genes responsables de la variación de los caracteres de interés económico. En el genoma porcino se han descrito numerosos polimorfismos tipo SNP asociados con estos caracteres, pero la mayor parte de estas asociaciones no se ha confirmado en cerdo Ibérico, debido principalmente a que estos SNPs son monomórficos o poco informativos en esta raza (Pérez-Montarelo et al., 2010). Para superar esta dificultad, se ha investigado una opción alternativa, a partir de los resultados de detección de QTL en dos cruces experimentales de una línea de cerdos Ibéricos (IBMAP y MEIBMAP). En estos cruces se han identificado efectos importantes sobre caracteres de crecimiento, engrasamiento y calidad de carne y de grasa en diversas regiones cromosómicas (Pérez-Enciso et al., 2000; Ovilo et al., 2000; Varona et al., 2002; Muñoz et al., 2007).

A partir del *PorcineSNP60 BeadChip* (Ramos et al., 2009), se ha desarrollado un panel de 96 SNPs segregantes en cerdos Ibéricos y localizados en tres de las regiones de interés (en los cromosomas 4, 6 y 12). Esta herramienta se ha utilizado para verificar, en diversas poblaciones de cerdos Ibéricos, los efectos de estos SNPs sobre los caracteres de mayor interés económico que forman parte del objetivo del programa de selección de la Asociación de Criadores de Cerdos Ibéricos (Rodríguez et al., 2010). Los resultados presentados en esta comunicación proceden del estudio realizado en la línea Ibérica Torbiscal.

MATERIAL Y MÉTODOS

Registros fenotípicos. Los registros analizados proceden de 183 cerdos castrados de la línea Torbiscal, hijos de 28 verracos y 66 cerdas y nacidos en dos parideras. Los animales fueron sometidos a manejo extensivo (alimentación restringida hasta los 280 días y engorde final en montanera) y sacrificados con una edad media de 392 días. Las canales se procesaron en un matadero comercial. Se tomaron muestras de lomo y grasa subcutánea para determinar, mediante espectroscopia de infrarrojo cercano (NIRS), el contenido en grasa, proteína y humedad en el músculo, y el contenido de los ácidos grasos más importantes (C16: 0, palmítico; C18: 0, esteárico; C18: 1, oleico y C18: 2, linoléico) en la grasa subcutánea. La información utilizada en este trabajo se presenta en la Tabla 1

Tabla 1. Descripción de los registros analizados en los 183 animales disponibles.

	Media	SD		Media	SD
<i>Crecimiento</i>			<i>Calidad de carne (l. dorsii)</i>		
Peso a 280d, kg	100,48	12,56	Grasa intramuscular, %	7,93	2,39
ETD a 100kg, mm	28,60	4,39	Humedad, %	70,82	1,70
GMD, g/d	497,14	76,14	Proteína, %	20,73	0,71
Peso sacrificio, kg	157,25	16,05			
<i>Calidad canal</i>			<i>Calidad de grasa</i>		
Peso canal, kg	126,83	13,19	C16:0, %	21,39	1,13
Jamones, %	17,00	0,76	C18:0, %	10,59	0,95
Paletas, %	11,44	0,60	C18:1,%	51,25	1,99
Lomos,%	3,03	0,27	C18:2,%	11,13	0,71

Genotipado de SNP. Utilizando las 62.163 sondas del *Porcine SNP60 BeadChip* (Illumina, San Diego, CA, USA), se genotiparon muestras de ADN de 26 cerdos Ibéricos de diferentes orígenes. A partir de los genotipos obtenidos, se seleccionaron 85 SNPs con frecuencia

superior a 0.20 del alelo menos frecuente y localizados en alguna de las regiones a analizar: *FAT1* del SSC4, Receptor de Leptina (*LEPR*) en el SSC6 y Acetyl Coenzima-A Carboxilasa (*ACACA*) en SSC12. El panel se completó con otras 11 sondas, que corresponden a polimorfismos de los genes *LEPR* y *ACACA* (cinco y seis sondas, respectivamente) identificados por secuenciación en nuestro laboratorio. El panel final se utilizó para el genotipado de los animales con registros fenotípicos mediante *GoldenGate Genotyping Assay*. Todo el genotipado se realizó en el Servei Veterinari de Genètica Molecular (SVGm) de la UAB.

Análisis estadísticos. Los efectos de los SNPs sobre los fenotipos se estimaron, utilizando el software Qxpack v.5-1 (Pérez-Enciso y Misztal, 2004), mediante un modelo animal en el que además de los efectos poligénicos se incluyeron como efectos fijos: la paridera, los efectos aditivo y dominante del SNP y como covariables, el peso de la canal para caracteres de calidad de canal y carne, y el crecimiento diario en la montanera para calidad de grasa. El nivel de significación se determinó utilizando una de las correcciones de Bonferroni, que corresponde a la probabilidad de elegir por azar un SNP como asociado al carácter (Lander & Kruglyak, 1995). Este umbral se determina como $P < 1 / \text{Número de SNPs informativos}$.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Solamente fueron válidos los genotipos de 82 de los 96 SNPs incluidos en el panel. Debido al cambio de plataforma, nueve sondas no produjeron amplificación en ninguna de las muestras: seis en la región del SSC6 y tres en la del SSC12. Otras cinco resultaron monomórficas en la línea Torbiscal. Por tanto, el umbral de significación se estableció en $P < 0,012$. En las tres regiones cromosómicas analizadas se detectaron efectos significativos sobre diversos caracteres. Los resultados se presentan en la Tabla 2.

Tabla 2. Cromosoma (SSC), sonda, frecuencia del alelo menor (MAF), razón de verosimilitud (LR), probabilidad nominal (P), efectos aditivo (a) y dominante (d) significativos.

Carácter	SSC	Sonda	MAF	LR	P	a (SE)	d (SE)
ETD, mm	6	MARC0025692	45,1	17,50	<0,001	1,41 (0,40)	1,78 (0,59)
Peso_Sac, kg	6	ASGA0029534	24,5	7,52	0,006	5,36 (1,94)	-
Peso_Canal, kg	6	MARC0046979	3,8	7,41	0,006	11,10 (4,06)	-
Jamones, %	12	ALGA0066396	36,6	9,55	0,008	0,24 (0,08)	0,20 (0,10)
Paletas, %	6	MARC0041774	44,8	10,00	0,007	0,13 (0,06)	0,17 (0,07)
Lomos, %	4	ALGA0025160	35,2	8,83	0,003	0,08 (0,03)	-
GRIN, %	12	AcPro6	20,3	8,72	0,003	1,02 (0,32)	-
Humedad, %	6	MARC0031617	41,5	9,04	0,003	0,57 (0,19)	-
Proteína, %	12	AcPro6	20,3	8,27	0,004	0,28 (0,10)	-
C16:0, %	6	MARC0046979	3,8	6,42	0,011	0,87 (0,32)	-
C18:0, %	4	ALGA0025158	43,7	6,97	0,008	0,26 (0,10)	-
C18:1, %	12	ASGA0054460	43,4	11,64	0,003	0,26 (0,19)	0,71 (0,23)
C18:2, %	4	ASGA0019783	9,3	10,87	0,004	0,56 (0,07)	0,51 (0,21)

En cuanto a caracteres incluidos en el objetivo de selección de AECERIBER, se han encontrado efectos significativos sobre porcentajes de jamones y paletas en las regiones cromosómicas próximas a los genes *ACACA* y *LEPR*, de magnitud comprendida entre 1,1 y 1,5% de la media del carácter. El efecto aditivo de la sonda ALGA0025160 (región *FAT1*) sobre el porcentaje de lomos equivale al 2,6% de la media. Asimismo se ha detectado un fuerte efecto aditivo sobre grasa intramuscular ($\approx 13\%$ de la media) de un SNP en el promotor 2 del gen *ACACA*, correspondiente a la sonda AcPro6. Por último, en las tres regiones cromosómicas se han detectado efectos sobre otros caracteres de interés aunque no incluidos en el citado objetivo de selección.

Estos resultados verifican parcialmente la presencia en la línea Torbiscal de QTL previamente detectados en cruces experimentales entre razas. Resultados análogos se han

obtenido en otras poblaciones de cerdo Ibérico, aunque por existir diferentes situaciones de desequilibrio de ligamiento, las sondas con efecto más significativo no son necesariamente coincidentes (Rodríguez et al., 2010). Con vistas a aumentar su utilidad, esta aproximación deberá extenderse en el futuro a regiones de otros cromosomas en las que se han detectado QTLs para estos caracteres (Fernández et al., 2011).

La evaluación genética de los caracteres de mayor interés en la selección de cerdo Ibérico (prolificidad, rendimiento en piezas nobles, calidad de carne) se basa principalmente en registros obtenidos en ascendientes. La utilización de tests genéticos permite la preselección temprana de reproductores entre los animales de las camadas de superior mérito genético estimado. Si bien el precio actual de los chips de alta densidad resulta prohibitivo en programas de selección modestos como el del cerdo Ibérico, el coste de un chip para el genotipado de un moderado número de SNPs puede ser asequible si una mejor estructura de la población permite repercutir el mayor coste en un gran número de animales.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Fernández et al., 2011. XIV Jornadas Sobre Producción Animal, Zaragoza 17-18 Mayo. • Lander, E. & Kruglyak, L., 1995. *Nat. Genet.* 11: 241-247. • Muñoz, G. et al., 2007. *Anim. Gen.* 38: 639-646. • Óvilo, C. et al. 2000. *Mamm. Gen.* 11: 344-346. • Pérez-Enciso, M. & Misztal, I., 2004. *Bioinformatics* 20: 2792-2798. • Pérez-Montarelo, D. et al. 2010. XV Reunión Nacional de Mejora Genética Animal, Vigo 14-16Junio. • Pérez-Enciso, M. et al. 2000. *J. Anim. Sci.* 78: 2525-2531. • Ramos, A. et al. 2007. *Plos ONE.* 4(8): 1-13. • Rodríguez, C. et al. 2010. 7º Congreso Internacional de Cerdo Mediterráneo, Córdoba 14-16 Octubre. • Varona, L. et al., 2002. *Genet. Res.* 80:145-154.

Agradecimientos: Trabajo financiado por el Proyecto AGL2007-65563. Agradecemos la colaboración de E de Pedro (UCO), y del personal del CIA 'Dehesón del Encinar', así como la asistencia técnica de MA López, F García, J Salces, Y Nuñez (INIA) y A Mercadé (UAB).

LOW-COST GENOMICS: AN EXAMPLE IN IBERIAN PIGS

ABSTRACT: During last decades, the identification of genes controlling productive traits has been a major goal in animal breeding. Recent availability of a high number of single nucleotide polymorphisms (SNPs) and genotyping platforms has allowed the identification of polymorphisms associated with growth, fatness, meat quality, disease resistance and prolificacy in pigs. However, most of these associations have not been probed in Iberian pigs, mainly because most of the polymorphisms are fixed or at low frequency in this breed. In this work a panel of 96 informative SNPs has been tested for association with growth, carcass, meat and fat quality traits in Iberian pigs from the Torbiscal strain. The panel was selected from the PorcineSNP60 BeadChip genotype information, taking into account the polymorphism level in Iberian breed and the location in the pig genome, in order to cover three economically interesting regions on chromosomes 4, 6 and 12. A total of 183 castrated male pigs were genotyped. Significant effects on the different traits were observed for several SNPs located in the three candidate regions. This approach could be useful for the identification of genetic markers and the design of valuable genetic tests to complement genetic evaluations for Iberian pig's selection.

Keywords: Iberian pig, genetic tests, selection