

## RELACIÓN DEL NÚMERO DE COPIAS DE ADN MITOCONDRIAL CON CARACTERES PRODUCTIVOS Y DE CALIDAD DE LA CANAL Y DE LA CARNE EN CERDOS

Molinero<sup>1\*</sup>, E., Pena<sup>1</sup>, R.N., Estany<sup>1</sup>, J. y Ros-Freixedes<sup>1</sup>, R.

<sup>1</sup>Departamento de Ciencia Animal, Universidad de Lleida – Agrotecnio-CERCA Center, 25198 Lleida, España; \*eduard.molinero@udl.cat

### INTRODUCCIÓN

La actividad mitocondrial es fundamental para regular el metabolismo energético de cada célula. El número de copias de ADN mitocondrial (NC\_ADNmt) es un indicador del tamaño y el número de mitocondrias, relacionados a su vez con la capacidad de generar energía de la célula. El NC\_ADNmt es un fenotipo celular que presenta una heredabilidad media-alta (0.33-0.65; López *et al.*, 2012; Xing *et al.*, 2008). Algunos estudios han observado una correlación de NC\_ADNmt con caracteres de producción, como los pesos al nacimiento y al destete en bovino con el NC\_ADNmt en muestras de sangre (Sanglard *et al.*, 2023) o el rendimiento de canal y pechuga y el contenido de grasa abdominal en pollos con el NC\_ADNmt en muestras de músculo (Reverter *et al.*, 2017). El objetivo de este estudio es evaluar la relación de NC\_ADNmt con caracteres productivos en cerdos y determinar qué genes pueden regular este fenotipo celular.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se secuenciaron, a partir de muestras de músculo, 205 cerdos Duroc provenientes de distintos lotes de una línea comercial a una cobertura promedio de 8.0x (SD 2.2x) utilizando Illumina NovaSeq 6000 (Illumina, San Diego, CA) con lecturas pareadas. Las lecturas se procesaron utilizando una rutina bioinformática estándar usando el *Sscrofa11.1* como genoma de referencia. Se calculó NC\_ADNmt como el logaritmo de la ratio entre las coberturas del ADN mitocondrial y nuclear (autosomas). Se estudió la correlación entre el NC\_ADNmt, corregido por el efecto del lote, con distintos caracteres productivos (crecimiento: peso a los 180 y 210 d, peso de la canal; calidad de la canal: profundidad de lomo y espesor de grasa dorsal; calidad de la carne: contenido y composición de la grasa intramuscular, pH y color). Después se realizó un estudio de asociación genómico para NC\_ADNmt usando 7 millones de variantes con frecuencias del alelo minoritario iguales o superiores a 0.2, ajustando un modelo lineal mixto que incluía el efecto lote y una matriz de parentesco genómico implementado en el software GEMMA. Fueron consideradas relevantes aquellas variantes con un *p*-valor < 10<sup>-5</sup>, y se exploraron los genes situados ±50 kb a su alrededor a partir de Ensembl.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A diferencia de lo observado previamente en otras especies ganaderas, no se detectaron asociaciones entre NC\_ADNmt y los caracteres de crecimiento. Tampoco se detectaron asociaciones con el contenido o composición de la grasa, pero sí se observó una correlación con el pH (+0.24; *p*=0.0012), y los parámetros de color L\* (-0.27; *p*=0.0069) y b\* (-0.23; *p*=0.026). El estudio de asociación genómico detectó 29 variantes asociadas con NC\_ADNmt, localizadas en los cromosomas SSC3, 4, 5, 7, 10, 12, 13, 14 y 17. En estas regiones se localizan algunos genes como *MTHFD2*, participante en la ruta metabólica mitocondrial del folato (Yue *et al.*, 2020), y la familia de genes *KRTs*, relacionados con la actividad y homeostasis mitocondrial (Silvander *et al.*, 2017).

### CONCLUSIÓN

El NC\_ADNmt se ha asociado con caracteres de calidad de carne en cerdos Duroc, con una correlación positiva con el pH y negativa para los parámetros de color L\* y b\*. Además, se han identificado regiones asociadas con NC\_ADNmt donde se localizan genes relacionados con la actividad mitocondrial.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• López *et al.* 2012 PLoS One 7: e42711. • Reverter *et al.* 2017 Biol. Open. 15: 50-58. • Sanglard *et al.* 2023 J. Anim. Sci. 101: shac415. • Silvander *et al.* 2017 FASEB J. 31: 4578-4587. • Xing *et al.* 2008 J. Natl. Cancer Inst. 100: 1104-1112. • Yue *et al.* 2020 Stem Cell Rep. 15: 529-545.

**Agradecimientos:** Proyecto financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación y Fondos FEDER (PID2021-125689OB-I00). E. Molinero es beneficiario de una beca UdL-Santander Predoc.