

# ANÁLISIS GENÉTICO DE LA RUTA METABÓLICA DEL ÁCIDO LINOLEICO EN PORCINO

Gol, S.<sup>1</sup>, González-Prendes, R.<sup>1</sup>, Tor, M.<sup>1</sup>, Reixach, J.<sup>2</sup>, Pena R.N.<sup>1</sup> y Estany, J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departament de Ciència Animal, Universitat de Lleida - Agrotecnio Center, 25198 Lleida

<sup>2</sup>Selección Batallé, 17421 Riudarenes

## INTRODUCCIÓN

El ácido linoleico (C18:2) es el ácido graso polinsaturado más abundante en la grasa del cerdo y, al ser un ácido graso esencial, el que mayor respuesta muestra en relación con la dieta. Una vez en el tejido, el C18:2 puede transformarse en ácido eicosadienoico (C20:2) o bien, mediante un proceso de desaturación, en ácido araquidónico (C20:4). La proporción de C18:2 y C20:4 en tejido adiposo y músculo del cerdo disminuye con la deposición de grasa (Ros-Freixedes y Estany, 2014), un fenómeno que se explica por la menor concentración relativa de los ácidos grasos de la dieta en los adipocitos conforme progresa la lipogénesis. Por esta razón, el contenido de C18:2 se puede considerar como un indicador del grado de engrasamiento de un cerdo (Wood et al., 2008). El contenido de grasa intramuscular (GIM) y su composición en ácidos grasos son caracteres relevantes para la producción de productos cárnicos de alta calidad, como el jamón curado. Aunque se conoce que existe variación genética en la composición de la grasa (i.e. Gjerlaug-Enger et al., 2011; Ros-Freixedes et al., 2012), todavía no se ha analizado el potencial de C18:2 y ácidos grasos derivados (20:2 y 20:4) como indicadores específicos de GIM. Por lo tanto, el objetivo de este estudio ha sido estimar las relaciones genéticas de C18:2, C20:2 y C20:4 en GIM con el contenido de GIM y el de grasa subcutánea.

## MATERIAL Y MÉTODOS

**Base de datos.** La base de datos que se ha utilizado comprendió 162.494 cerdos Duroc provenientes de 1.032 machos y 32.767 hembras de una línea cerrada en 1991 (Ros-Freixedes et al., 2012). A 91.448 de estos cerdos se les controló el peso (P, kg) y el espesor de grasa (GD, mm) a los 180 días de edad. El registro de GD se tomó mediante un equipo Piglog105 (Herlev, Dk) a la altura de la última costilla, a unos 5 cm de la línea media. Una parte de estos cerdos se castraron y se engordaron hasta los 215 días, momento en el cual se sacrificaron. Después de mantener las canales 24h a 2°C, se extrajo una muestra representativa del músculo *gluteus medius* (GM) en 4.437 cerdos, a partir de la cual se determinó el contenido de GIM mediante transmitancia en el infrarrojo cercano (n= 3.066; Valero et al., 1999) o por cromatografía cuantitativa de los ácidos grasos individuales (n= 1.371; Bosch et al., 2009). En estas últimas muestras se determinaron, entre otros ácidos grasos, C18:2, C20:2 y C20:4, que se expresaron en mg/g de materia seca y en porcentaje respecto al total de ácidos grasos.

**Análisis genético.** Los parámetros genéticos asociados a P, GD, GIM, C18:2, C20:2 y C20:4 se estimaron mediante un solo análisis multicarácter. El modelo para P y GD incluyó el lote de engorde (1.032 lotes), el sexo (3 clases), la camada (40.112 camadas) y la edad de control como covariable. El modelo fue el mismo para GIM, C18:2, C20:2 y C20:4, pero substituyendo el lote de engorde por el de sacrificio (132 lotes) y la covariable edad de control por la de sacrificio. Este mismo modelo sirvió para describir los ratios C20:2/C18:2 y C20:4/C18:2, que se analizaron por separado mediante un análisis multicarácter conjuntamente P, GD y GIM. Todos los modelos se resolvieron usando el programa TM (Legarra et al., 2008). Las inferencias se realizaron a partir de muestras extraídas de la distribución marginal posterior usando una cadena de 1.000.000 de iteraciones, descartándose las 200.000 primeras y tomando una de cada 100.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los parámetros genéticos asociados a C18:2, C20:2, C20:4 (en mg/g y %) y los ratios C20:2/C18:2 y C20:4/C18:2 se dan en la Tabla 1. Las heredabilidades fueron todas relativamente altas (entre 0,35, para C20:2/C18:2, y 0,70, para C18:2). Los valores obtenidos fueron por lo general más altos que los referidos en otros trabajos (Suzuki et al., 2006; Casellas et al., 2010). Las correlaciones genéticas de estos ácidos grasos con P, GD y GIM presentaron un rango mayor de valores. La correlación genética del contenido en C18:2 (%) con P, GD y GIM fue negativa (-0,37 y -0,38, para P y GIM, respectivamente, y -0,65, para GD). Por su parte, C20:2 (%) y C20:4 (%) presentaron una estructura de correlaciones genética parecida, aunque menor en magnitud, excepto entre C20:4 (%) y GIM, que fue claramente antagónica (-0,77). Estos resultados coinciden con la idea general que los ácidos grasos de la ruta del linoleico se relacionan negativamente con el contenido graso (Fernández et al., 2003; Suzuki et al., 2006). Las estimas de la heredabilidad de estos ácidos grasos fueron del mismo orden cuando éstos se expresaron cuantitativamente (en mg/g), excepto para C18:2, cuya heredabilidad fue substancialmente inferior (0,46), más en línea con las descritas en otros trabajos (Ntawubizi et al., 2010). Sin embargo, la estructura de correlaciones fue diferente. Así, expresados en mg/g, ninguno de los tres ácidos grasos (C18:2; C20:2; C20:4) se correlacionó con ninguno de los caracteres productivos estudiados (P y GD). Este también fue el caso de la correlación entre C20:4 (mg/g) y GIM. Por el contrario, la correlación de C18:2 (mg/g) y C20:2 (mg/g) con GIM fue muy alta (0,80-0,85).

Uno de los objetivos de selección en las líneas de calidad de carne de cerdo es mejorar GIM y GD de forma independiente, a fin de que la mejora en GIM no suponga una pérdida en el crecimiento magro. La estructura de correlaciones que presentan C20:4 (%), C18:2 (mg/g) o C20:2 (mg/g), definida por una correlación genética alta con GIM y baja con GD, invita a explorar la posibilidad de utilizar estos caracteres como criterio de selección para la mejora de GIM sin alterar el crecimiento magro. En efecto, las simulaciones realizadas confirmarían que, especialmente para C18:2 (mg/g), su inclusión como criterio de selección puede ser útil para conseguir este objetivo. Obviamente un problema que tienen estos caracteres es que son caros y difíciles de medir, particularmente *on-line*. A este respecto los nuevos equipos portátiles de espectrometría del infrarrojo cercano pueden ser de utilidad, tal como apuntan los primeros resultados de calibración obtenidos por nuestro grupo con espectros tomados en la misma línea de despiece. En otro sentido, los resultados en la Tabla 1 avalan el interés de buscar marcadores moleculares en genes que codifican las enzimas que afectan la ruta metabólica del C18:2. Los ratios C20:4/C18:2 y C20:2/C18:2 son un indicador de la actividad de la desaturasa de los ácidos grasos-2, que es un enzima clave para la transformación de C18:2 en C20:4. Tal como se puede observar en la Tabla 1, ambos ratios presentan una correlación genética más alta con GIM que con GD, lo que indirectamente les convierte, a ellos y al gen de la desaturasa de los ácidos grasos-2, como candidatos a considerar para aprovechar parte de la variación de GIM que es independiente de GD. El polimorfismo en el gen de la desaturasa-2 descrito en Gol et al. (2017) cumpliría con este objetivo, pues se asocia mucho más a GIM que a GD.

**Tabla 1.** Heredabilidad ( $h^2$ ) y correlación genética ( $r_G$ ) del contenido en linoleico (C18:2), eicosadienoico (C20:2), araquidónico (C20:4) expresado en porcentaje respecto al resto de ácidos grasos (%) o en mg/g muestra (mg/g), y de los ratios C20:2/C18:2 y C20:4/C18:2 con el peso (P), el espesor de grasa dorsal (GD) y el contenido de grasa intramuscular (GIM). DT – desviación típica.

Carácter	$h^2$	$r_G P$	$r_G GD$	$r_G GIM$
	Media (DT)	Media (DT)	Media (DT)	Media (DT)
C18:2, %	0,70 (0,02)	-0,37 (0,02)	-0,65 (0,02)	-0,38 (0,05)
C20:2, %	0,56 (0,03)	-0,24 (0,05)	-0,48 (0,03)	0,06 (0,04)
C20:4, %	0,51 (0,03)	-0,15 (0,05)	-0,30 (0,04)	-0,77 (0,03)
C18:2, mg/g	0,46 (0,05)	0,10 (0,07)	0,06 (0,08)	0,80 (0,04)
C20:2, mg/g	0,47 (0,06)	0,13 (0,07)	0,15 (0,08)	0,85 (0,04)
C20:4, mg/g	0,44 (0,11)	-0,01 (0,12)	-0,02 (0,15)	-0,07 (0,15)
C20:2/C18:2	0,35 (0,06)	0,22 (0,11)	0,33 (0,10)	0,71 (0,08)
C20:4/C18:2	0,52 (0,09)	-0,07 (0,10)	-0,07 (0,10)	-0,58 (0,11)

#### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bosch, L. et al. 2009. Meat Sci. 82: 432-437
- Casellas, J. et al. 2010. J. Anim. Sci. 88: 2246-2254
- Fernández, A. et al. 2003. Meat Sci. 64: 405-410
- Gjerlaug-Enger, E. et al. 2011. Animal, 5(10): 1495-1505.
- Gol, S et al. 2017. XVII Jornada Prod. Anim. 537-539.
- Legarra, A. et al. 2008. Manual TM (<http://cat.toulouse.inra.fr/~alegarra/>)
- Ntawubizi, M. et al. 2010. J. Anim. Sci. 88: 1286-1294
- Ros-Freixedes, R. et al. 2012. J. Anim. Sci. 90 (12): 4230-1505.
- Ros-Freixedes, R. y Estany, J. 2014. J. Agr. Biol. Env.19 (1): 136-155.
- Suzuki, K. et al. 2006. J. Anim. Sci. 84: 2026-2034.
- Valero, A. et al. 1999. Eurocarne 79, 87-90
- Wood, J. D. et al. 2008. Meat Sci. 78: 343-358

**Agradecimientos:** Proyecto financiado por MINECO y FEDER (AGL2015-65846-R) con la ayuda del centro para el Desarrollo Tecnológico Industrial (proyecto IDI-20150115). S. Gol es beneficiaria de una beca FPU (BES-2014-FPU13/04975).