

Asociación de genoma completo del perfil de ácidos grasos en grasa intramuscular y subcutánea en cerdo ibérico

C. Hervás-Rivero^{1*}, H. Srihi¹, D. López-Carbonell¹, J. Casellas², N. Ibáñez-Escriche³, S. Negro⁴, L. Varona¹

¹ Universidad de Zaragoza, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), C. de Miguel Servet, 177, 50013 Zaragoza, España,

² Universitat Autònoma de Barcelona, Departamento de Ciencia Animal y de los Alimentos, Travessera dels Turons, s/n, 08193 Bellaterra, España

³ Universitat Politècnica de València, Instituto Universitario de Ciencia y Tecnología Animal, Camí de Vera, s/n, 46022 Valencia, España, ⁴ INGA FOOD S. A. (Nutreco), Avenida de la Rúa 2, 06200 Almendralejo, España

* Corresponding autor: chervas@unizar.es

Resumen

Los perfiles de ácidos grasos desempeñan un papel crítico en la calidad de la carne, afectando la firmeza de la grasa, el contenido de grasa intramuscular y la estabilidad oxidativa durante el procesamiento cárnico. El objetivo de este trabajo consiste en la estimación de la correlación genética entre la composición de ácidos grasos en la grasa intramuscular (IMF) y subcutánea (SCF) en cerdos ibéricos, con el fin de esclarecer los factores clave que influyen en los rasgos de calidad de la carne. En este estudio, se ha utilizado datos de composición de ácidos grasos para 703 animales en la grasa subcutánea, de los cuales 633 también se dispuso de su perfil en la grasa intramuscular. Después de una transformación CLR para datos composicionales, se estimaron la heredabilidad y las correlaciones genéticas entre IMF y SCF para todos los ácidos grasos analizados, así como para el conjunto del tipo de ácido graso al que pertenecían (saturado, monoinsaturado o poliinsaturado). Además, se identificaron las regiones genómicas asociadas con la mayor varianza genética aditiva para cada uno de ellos. Las estimaciones de heredabilidad fueron más altas en SCF que en IMF, con niveles variables entre los distintos ácidos grasos. Las correlaciones genéticas entre los ácidos grasos de SCF e IMF fueron predominantemente positivas, excepto para C20:3 (n-6), lo que indica una relación insignificante debido a su presencia en un porcentaje residual. Además, se realizó un GWAS multicarácter incluyendo ambos tipos de grasa con el que se identificaron regiones significativas asociadas con la composición de ácidos grasos. Dentro de estas regiones se encontraron genes como FAF2, LIPA, LIPM y ANKRD1, conocidos por sus roles en el metabolismo lipídico. La realización de este estudio nos permitió mejorar la comprensión de la genética del cerdo ibérico y proporciona información para programas de mejora genética para la calidad de la carne.

Keywords: Meat quality, Iberian pig, GWAS, Fatty acids, Genetic correlation.