

Asociación genómica para crecimiento, componentes de la canal, calidad carne y ácidos grasos de grasa dorsal en cerdos ibéricos cebados en *montanera*

P. Palma-Granados^{1*}, J.M. García-Casco², F. Esquiliche³, M.A. Delgado¹, C. Óvilo¹, M. Muñoz¹

¹ Departamento de Mejora Genética Animal, INIA-CSIC, 28040 Madrid

² Centro de I+D en Cerdo Ibérico, INIA, 06300, Zafra, Badajoz;

³ Sánchez Romero Carvajal, 21290 Jabugo, Huelva.

* Corresponding autor: Patricia.palma@inia.csic.es

Resumen

La identificación de marcadores genéticos asociados a caracteres de interés socioeconómico se ha convertido en una herramienta fundamental para la mejora genética en porcino. Los estudios de asociación de genoma completo son una estrategia potente para detectar regiones genómicas asociadas a caracteres de interés (QTL) en porcino. El cerdo ibérico se distingue por su crecimiento lento y alta infiltración grasa, lo que contribuye a la calidad excepcional de sus productos curados. El objetivo de este estudio fue identificar QTLs asociadas con el crecimiento, porcentaje de piezas nobles y calidad de la carne de cerdos ibéricos de Montanera.

Para este estudio se analizaron un total de 528 cerdos Ibéricos pertenecientes a la empresa Sánchez Romero Carvajal de la línea de selección SRC. Se evaluaron datos fenotípicos como la ganancia de peso diaria durante la montanera (GMD), el rendimiento de piezas nobles, el perfil de ácidos grasos (AG) de la grasa dorsal y distintos caracteres de calidad medidos en el lomo (pérdidas de agua por descongelación y cocinado, contenido en grasa intramuscular, resistencia al corte y color instrumental tras la descongelación). Los individuos fueron genotipados con Illumina PorcineSNP60 BeadChip y se utilizó la herramienta plink para el manejo de los datos genotípicos. El análisis de asociación de todo el genoma se realizó con el software GCTA64, empleando el modelo MLMA-loco e incluyendo distintos efectos fijos y co-variables en función del carácter analizado. Un SNP se consideró asociado significativamente a un carácter cuando en test de asociación, después de corrección de test múltiple, la tasa de falsos positivos era inferior al 5% ($q\text{-value} < 0.05$).

No se encontraron asociaciones significativas para GMD, peso de paletas y caracteres de calidad medidos en lomo. Sin embargo, se observaron SNPs y regiones genómicas localizadas en los cromosomas 4 y 6 asociadas al peso del lomo, y en los cromosomas 6, 8, 10 y 15 al peso del jamón. Entre los genes localizados en estas regiones destacamos el coactivador de receptor nuclear A (NCOA2) en el cromosoma 4, asociado al peso del lomo y que participa en procesos metabólicos y de desarrollo en varios tejidos, incluido el músculo; y los genes proteína de dedo de zinc 518B y 438 (ZNF518B y ZNF438, respectivamente), localizados en los cromosomas 8 y 10, asociados al peso del jamón, y que están involucrados en la regulación de la expresión génica, siendo importantes para el desarrollo y la función muscular. El mayor número de asociaciones significativas se detectaron para el perfil de AG de grasa dorsal. Se identificaron 16 QTL asociados con los AG, distribuidos en los cromosomas 3, 7, 8, 12, 13, 14 y 15, principalmente relacionados con los AGs mirístico, palmítico y linoleico. Varias regiones independientes o regiones solapadas afectaron a más de un ácido graso. Entre los genes de interés encontrados en estas regiones destacamos el gen de la elongasa de ácidos grasos de cadena larga 6 (ELOVL6) y el gen fosfolipasa A2 grupo XIIA (PLA2G12A) que codifica una enzima que participa en la hidrólisis de fosfolípidos para liberar ácidos grasos. Algunos SNPs identificados en nuestro estudio y ubicados en genes de interés deberían ser investigados a fondo para evaluar su posible aplicación en programas de mejora genética.

Keywords: GWAS, cerdo ibérico, canal, calidad carne

Financiación: CDTI IDI-20220528 Nuevas estrategias para predicción y control de parámetros de calidad y el bienestar animal en el cerdo ibérico.