

# Diferencias metabólicas entre cerdos ibéricos puros y cruzados con duroc sometidos a estrés térmico

Paula Aranguren-Rivas<sup>1\*</sup>, Ana Heras-Molina<sup>2</sup>, Emilio Gómez-Izquierdo<sup>3</sup>, José Gómez-Fernández<sup>3</sup>, Fabián García<sup>1</sup>, Samuele Bovo<sup>4</sup>, Matteo Bolner<sup>4</sup>, Luca Fontanesi<sup>4</sup>, Cristina Óvilo<sup>1</sup>, Juan María García-Casco<sup>1,5</sup>, María Muñoz<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de mejora genética animal, INIA-CSIC, Ctra. de La Coruña, km 7.5, 28040, Madrid

<sup>2</sup>Departamento de producción animal, UCM, Av. Puerta de Hierro, s/n, 28040 Madrid

<sup>3</sup>Centro de Pruebas de Porcino-ITACYL, Carretera Riaza-Toro, s/n, 40353, Hontalbilla

<sup>4</sup>Department of Agricultural and Food Sciences, Division of Animal Sciences, Universidad de Bolonia, Viale Giuseppe Fanin, 40-50, 40127, Bolonia (Italia)

<sup>5</sup>Centro de I+D en cerdo Ibérico, INIA-CSIC, Ctra. Zafra-Los Santos de Maimona EX101 km 4.7, 06300, Zafra

\*Corresponding author: paula.aranguren@inia.csic.es

## Resumen

El estrés por calor (EC) puede afectar negativamente a la fisiología porcina, comprometiendo tanto el rendimiento productivo como el bienestar de los animales. La caracterización del perfil metabólico es una herramienta analítica clave para detectar cambios fisiológicos asociados a la respuesta al EC. En este contexto, el perfil metabólico podría utilizarse como un fenotipo intermedio susceptible de ser incluido en programas de mejora genética.

El objetivo de este estudio fue evaluar la respuesta al EC mediante el análisis del perfil metabólico de cerdos ibéricos puros (IB) e ibéricos cruzados con duroc (DUIB).

El experimento se realizó en la granja experimental del Centro de Pruebas de Porcino-ITACYL. Se analizaron muestras de plasma de 40 cerdos ( $15.7 \pm 3.23$  kg) machos castrados: 20 IB y 20 DUIB en dos lotes seriados (20 por lote, 10 por genotipo). Los animales se alojaron en jaulas individuales en condiciones termo neutrales (TN) durante siete días, posteriormente, la temperatura se incrementó a 30 °C durante las 24 horas de los siete días siguientes. Las muestras de plasma (n=120) se recogieron por la mañana en tres días diferentes: antes del EC (T0, TN), a los dos días del inicio del EC (T2, EC agudo) y a los siete días tras el inicio del EC (T7, EC crónico). El análisis se realizó mediante cromatografía líquida de alto rendimiento (HPLC) (Metabolon Inc.). Los datos de los tres momentos de muestreo se procesaron de manera individual para cada genotipo, imputándose los valores faltantes mediante el método MICE. Posteriormente, se combinaron los tres momentos de muestreo dentro de cada genotipo y se corrigieron mediante un modelo mixto, que incluyó la tasa de crecimiento fraccional como covariable, el lote como efecto fijo y el individuo como efecto aleatorio. Con los datos corregidos se realizaron comparaciones por pares entre los distintos días de muestreo. Los metabolitos discriminantes se identificaron con el algoritmo Boruta basado en random forest. Los metabolitos confirmados como discriminantes se analizaron mediante una prueba de Mann-Whitney con corrección de Bonferroni, considerándose metabolitos diferencialmente abundantes (MDAs) los que presentaron un p-valor < 0,05. Finalmente, se realizó un análisis de enriquecimiento funcional con Metaboanalyst, utilizando la base de datos RaMP-BD con *Homo sapiens* como referencia.

El análisis por genotipo mostró un número mayor de MDAs en DUIB que en IB en las tres comparaciones temporales. En T0 vs T2 se detectaron 10 MDAs en IB y 16 en DUIB; en T0 vs T7, 20 frente a 61; en T2 vs T7 fueron 36 frente a 59. El enriquecimiento funcional reveló que IB solo presenta rutas enriquecidas en la comparación T2 vs T7, observándose un total de 28 rutas, principalmente lipídicas. En DUIB, se identificaron 44 rutas enriquecidas en la comparación

T0 vs T7 y 42 en T2 vs T7, relacionadas principalmente con el metabolismo de la glucosa y los aminoácidos, inducidas durante el estrés crónico.

Estos resultados sugieren respuestas diferenciadas de los dos genotipos analizados frente al estrés térmico, tanto en la activación de distintas rutas metabólicas como en diferentes tiempos de respuesta.

*Keywords: estrés térmico, metabolómica, cerdo ibérico, respuesta metabólica*

**Agradecimientos:** Este trabajo ha sido financiado por el programa de investigación e innovación Horizonte Europa de la Unión Europea, en el marco del acuerdo de subvención n.º 101059609 (proyecto Re-Livestock), y ha contado con el apoyo de la *COST Action* CA22112