

MICROBIOTA INTESTINAL COMO PREDICTOR DE LA CALIDAD DE LA CARNE EN CERDOS IBÉRICOS

Azougagh^{1*}, L., Casto-Rebollo¹, C., Hernández¹, P., Varona², L., Casellas³, J., Negro⁴, S. e Ibáñez-Escriche¹, N.

¹Instituto de Ciencia y Tecnología Animal, Universitat Politècnica de Valencia. 46022 Valencia;

²Universidad de Zaragoza. Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2). 50013 Zaragoza;

³Universitat Autònoma de Barcelona. 08193 Bellaterra;

⁴INGA FOOD S.A. 06200 Almendralejo

*lazolam@upv.edu.es

INTRODUCCIÓN

El potencial adipogénico del cerdo ibérico define la calidad de su carne y de sus productos curados. La grasa intramuscular (IMF) y la grasa subcutánea (SCF) y sus composiciones aportan atributos sensoriales y nutricionales altamente valorados. Sin embargo, la medición de estos fenotipos, además de su alto coste económico, solo es posible tras el sacrificio, lo que limita su inclusión en programas de mejora. Este estudio tiene como objetivo evaluar si la información derivada del microbiota intestinal puede predecir dichos fenotipos. Para ello, se busca identificar el momento óptimo durante el periodo de engorde en el que los datos del microbiota alcancen la mayor precisión predictiva de la composición grasa. Asimismo, se explora el potencial de la selección de variables (SV) para identificar aquellas que son las más relevantes, con el fin de optimizar la capacidad predictiva.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se recolectaron un total de 554 muestras de heces de cerdos ibéricos de la empresa Inga Food S.A, repartidas entre los 140 días, 180 días, y el final del engorde (Mat). Los animales fueron criados en condiciones intensivas y alimentados *ad libitum*. Se extrajo el ADN de las muestras para secuenciar el gen 16S y se identificaron los ASVs utilizando el pipeline nf-core/ampliseq (Straub *et al.*, 2020). Posteriormente, se tomaron muestras de músculo longissimus thoracis y tejido adiposo subcutáneo de la región coccígea, analizando su perfil de ácidos grasos (FA) por cromatografía de gases de ésteres metílicos (Sandler y Karo, 1992). Los caracteres evaluados incluyeron el porcentaje de 15 FA, así como el porcentaje de FA saturados (SFA), monoinsaturados (MUFA), poliinsaturados (PUFA) y de ω -3 y ω -6 PUFA, tanto en la IMF como en la SCF. Los caracteres se analizaron usando un modelo lineal mixto Bayesiano que incluyó efectos de lote y línea, y una matriz de covarianzas microbianas, implementado en BGLR (Pérez y de los Campos, 2014). La predicción de cada fenotipo se determinó como el promedio de la correlación entre valores predichos y observados en los conjuntos de prueba en 50 repeticiones de CV. En paralelo, se realizó una SV mediante Random Forest (Ho, 1995) para identificar ASVs más relevantes y reevaluar la capacidad predictiva en cada momento.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En ambos tejidos, la SV mejoró la predicción de los FA, con un impacto más relevante en caracteres como los SFA que presentaban un rendimiento basal más bajo ($r_{180-SCF} = 0,18$ vs. $r_{180-SCF-SV} = 0,31$ y $r_{Mat-SCF} = 0,40$ vs. $r_{Mat-SCF-SV} = 0,53$), mientras que los PUFA (incluidos ω -3 y ω -6) mantienen una alta estabilidad en las predicciones a lo largo del tiempo (ej. PUFA: $r_{140-IMF} = 0,69$ vs. $r_{140-IMF-SV} = 0,70$ y $r_{180-IMF} = 0,69$ vs. $r_{180-IMF-SV} = 0,73$). Además, la edad óptima de predicción difiere según el tipo de FA en ambos tejidos: mientras que en los SFA es al final del engorde, para los PUFA y MUFA resulta más apropiada a los 140 y 180 días, lo que sugiere que los puntos de muestreo más tempranos proporcionan señales más robustas de la composición de FA.

CONCLUSIÓN

La composición microbiana en cerdos ibéricos es un indicador robusto para predecir los FA, y mediante la SV y la elección adecuada del momento de muestreo, es posible mejorar la precisión de los modelos y realizar selecciones tempranas de fenotipos como los PUFA y MUFA, incluso antes del sacrificio.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Straub *et al.* 2020. Front Microbiol. 11: 550420. • Sandler, S.R. y Karo, W. 1992. Source Book Org Lab Prep. • Pérez, P. y de los Campos, G. 2014. Genetics 198: 483-95. • Ho, T.K. 1995. Proceedings of the 3rd International Conference on Document Analysis and Recognition, 278-282.

Agradecimientos: A Inga Food por facilitar los animales y las instalaciones para la realización del estudio. Financiado por el Ministerio de Ciencia (PID2020-114705RB-I00) y la beca predoctoral Santiago Grisolia (CIGRIS/2021/098).