REGIONES GENÓMICAS CON EFECTO DOMINANTE ASOCIADAS A LA ACUMULACIÓN DE GRASA EN CERDOS

Molinero*, E., Pena, R.N., Estany, J. y Ros-Freixedes, R.
Departamento de Ciencia Animal, Universidad de Lleida – Agrotecnio-CERCA Center, 25198 Lleida, España
*eduard.molinero@udl.cat

INTRODUCCIÓN

La acumulación de la grasa es un factor esencial en la calidad de la carne de cerdo. En particular, el contenido de grasa intramuscular (GIM) afecta atributos como el sabor y la textura (Hocquette *et al*., 2010) y determina la aceptación por parte del consumidor (Fernández *et al*., 1999). Otro carácter de acumulación de grasa que presenta interés comercial es el espesor de grasa dorsal (GD), que se relaciona con la eficiencia productiva (Faure *et al*., 2013) y la composición de la canal. A pesar de que existen numerosos estudios de genes candidatos para ambos caracteres, la mayoría se limitan al efecto aditivo, sin considerar el efecto dominante. Sin embargo, en nuestra población Duroc de estudio hemos descrito una variante en el gen *LEPR* con efecto dominante sobre estos caracteres (Ros-Freixedes *et al*., 2016). El objetivo de este estudio es identificar regiones asociadas con GD o GIM teniendo en cuenta el efecto aditivo y dominante.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se genotiparon 1.737 cerdos Duroc de distintos lotes de una línea comercial mediante los chips GGP-Porcine 70K (Illumina, San Diego, CA, EUA), PorcineSNP60 v2 Genotyping BeadChip (Illumina, San Diego, CA, USA), y PorcineSNP80 v1 Genotyping BeadChip (Illumina, San Diego, CA, USA). Se descartaron aquellos SNP con una frecuencia alélica inferior a 0,05 o con más de un 20% de genotipos ausentes, de tal forma que 39.882 superaron los filtros de control de calidad. Todos los cerdos fueron machos castrados con registro de GD al sacrifico y GIM del músculo *gluteus medius*. Se llevó a cabo un análisis de asociación para GD y GIM mediante el método Bayes B implementado en el software GenSel (Garrick y Fernando, 2013), incluyendo simultáneamente los efectos aditivo y dominante de cada variante, codificando los genotipos (AA, AB, BB) como (–10, 0, +10) y (0, +10, 0), respectivamente. Se consideraron relevantes aquellas ventanas de 1 Mb que explicasen por lo menos un 1% de la varianza total del carácter, y que presentasen un factor de Bayes ≥10. Utilizando el factor de Bayes de las variantes, se determinó qué codificación era la más probable de introducir en el modelo, si la aditiva, la dominante o ambas. Se anotaron los genes situados en las ventanas asociadas a partir de Ensembl usando el *Sscrofa 11.1* cómo genoma de referencia. Se realizó el análisis de las anotaciones funcionales de los genes mediante la base de datos DAVID y búsqueda bibliográfica.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se detectaron nueve ventanas asociadas con GD y cuatro con GIM. De estas, seis, para GD, y una, para GIM, presentaron variantes con efecto dominante. La ventana de GIM y una de las de la GD se localizó en el cromosoma (SSC) 6, entre 146-148Mb, región en la cual se encuentra el gen *LEPR*. Las otras ventanas para GD se encontraron en SSC1:160-162Mb, SSC2:41-42Mb, SSC3:112-113Mb, SSC7:115-116Mb y SSC18:10-11Mb. En estas regiones se localizan los genes *HIPK2*, *MYOD1* y *TPH1*, entre otros, cuya función se ha asociado con adiposidad.

CONCLUSIÓN

El uso de una metodología que incluye tanto efectos aditivos como dominantes ha permitido detectar nuevas regiones asociadas con la acumulación de grasa. Estas regiones presentan genes asociados con el contenido graso, los cuales pueden ser útiles para la una mejor comprensión de la base genética del acúmulo de la grasa.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Faure, J. *et al*. 2013. Meat Sci. 93: 37-45. • Fernández, X. *et al*. 1999. Meat Sci. 53: 59-65. • Garrick, D.J. y Fernando, R.L. 2013. Genome-Wide Association Studies and Genomic Prediction. pp. 275-298. • Hocquette, J.F. *et al*. 2010. Animal 4: 303-319. • Ros-Freixedes, R. *et al*. 2016. PLoS One 1: e0152496.

Agradecimientos: Proyecto financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades y Fondos FEDER (PID2021-125689OB-I00).