ANALISIS DE *IMPRINTING* EN CARACTERES DE CALIDAD DE CANAL, CARNE Y ACIDOS GRASOS EN UN CRUCE F2 IBERICO x LANDRACE

L Varona[1], A Sánchez[2], M C Rodriguez[3], A Clop[2], C Ovilo[3],A Coll[2], C Barragán[3], M A Oliver[4], D Babot[1], I. Diaz[4], M A Toro[3], J M Folch[2], M Pérez-Enciso[1], L. Silió[3], J L Noguera[1]
[1]Area de Producció Animal. Centre UdL-IRTA. 25198. Lleida. [2]Unitat de Genètica y Millora, Facultad de Veterinaria, UAB. 09193. Bellaterra, Barcelona. [3]Area de Mejora Genética y Biotecnología. CIT-INIA. 28040. Madrid. [4] IRTA. Centre de Tecnologia de la Carn,. 17121. Monells, Girona

INTRODUCCION

Recientemente se ha descubierto un importante número de genes en animales que muestran *imprinting* (Morrison et al., 2001). Este fenómeno se produce por una metilación específica en los gametos que inhibe la expresión de uno de los dos genes paternos (Sleutels et al., 2000). Además, Nezer et al. (1999), Jeon et al. (1999), De Koning et al. (2000) detectan un importante efecto de *imprinting* en QTLs para composición corporal en poblaciones porcinas. El objetivo del presente trabajo es contrastar estos resultados en un cruce Ibérico x Landrace, cuyos resultados han sido previamente analizados sin tener en cuenta el efecto de *imprinting* (Pérez-Enciso et al., 2000; Ovilo et al, 2000; Clop et al, 2001).

MATERIAL Y METODOS

El material experimental se constituyó a partir de 3 machos ibéricos de la línea Guadyerbas y 31 hembras de raza Landrace. Se obtuvieron 577 individuos F2, procedentes de 7 machos y 73 hembras F1. En este trabajo se presentan los resultados de 321 individuos F2 pertenecientes a 58 familias de hermanos completos en los cromosomas 1, 2, 3, 4, 7, 8, 9, 13, 16 y 17 y de 351 individuos F2 pertenecientes a 63 familias para el resto de cromosomas, genotipados para 97 microsatélites. Las medias y desviaciones estándar fenotípicas de los caracteres analizados se presentan en la Tabla 1.

Tabla 1. Valores fenotípicos de los caracteres analizados en animales F2.

SIMBOLO	DESCRIPCION	MEDIA	D.T.
P	Peso canal al sacrificio (kg.)	74.90	9.82
G2	Espesor de tocino dorsal (mm.) Fat-O-Meter	25.75	5.85
pH24	pH 24 H.	5.91	0.30
Long.	Longitud de la canal (cm.)	79.26	3.96
PJ	Peso Jamón Derecho (kg.)	10.89	1.37
PG	Peso Panceta (kg.)	2.51	0.76
a*	Rojo (medida Minolta)	6.53	1.73
b*	Amarillo (medida Minolta)	3.40	1.45
L*	Luminosidad.(medida Minolta)	48.85	3.95
PRL34	Profundidad Lomo entre 3ª y 4ª costilla con regleta (mm.)	47.49	6.38
PRG34	Espesor Grasa entre 3ª y 4ª costilla con regleta (mm.)	28.32	7.91
% GIM	% de grasa intramuscular en el musculo Longisimus lumbor	1.47	0.53
AL	Area del Lomo entre 3ª y 4ª costilla (cm^2)	34.66	5.03
Hem.	Pigmentos Hemo µg/g músculo.	29.49	6.63
C18:1(n-9)	% Ac. Oleico.	44.12	1.67
C18:2	% Ac. Linoleico.	14.43	1.45
ACL	Longitud de cadena media de Ac. Grasos.	17.50	0.04
DBI	Índice de doble enlace en Ac. Grasos.	0.84	0.03
PI.	Indice teórico de susceptibilidad a la oxidación.	18.49	1.60
UI	Índice de insaturación.	2.52	0.23

Se realizó un barrido genómico a lo largo de los 18 autosomas porcinos cada cM. Se utilizaron dos modelos de análisis para contrastar el efecto de *imprinting*. Por una parte, se utilizó un modelo (Mod. I) que incluye un efecto genético aditivo y un efecto genético de dominancia:

$$y = S_i + F_j + b \times P_{ijk} + a \times (pr(QQ) - pr(qq)) + d \times (pr(Qq) + pr(qQ)) + e_{ijk}$$

donde *Si* es el efecto asociado al sexo, *Fj* es el efecto familia, *b* es una covariada relacionada con el peso canal del individuo (*Pijk*), *a* es el efecto aditivo, *d* es el efecto dominante, *pr(QQ)* es la probabilidad de recibir los dos alelos en esa posición de origen Iberico, *pr(qq)* es la probabilidad de recibir los dos alelos de origen Landrace, *pr (Qq)* es la probabilidad de recibir el alelo paterno de origen Ibérico y el materno Landrace, *pr(qQ)* es la probabilidad de recibir el alelo paterno de origen Landrace y el alelo materno de origen Ibérico. Los valores *pr(QQ)*, *pr(Qq)*, *pr(qQ)* y *pr(qq)* se han calculado condicionados a 97 marcadores moleculares distribuidos uniformemente cada 20 cM a lo largo del genoma.

También se ha utilizado un segundo modelo (Mod. II), equivalente al aplicado por De Koning (2000), que permite asociar efectos diferentes a los dos tipos de heterocigotos:

$$y = S_i + F_j + b \times P_{ijk} + a \times (pr(QQ) - pr(qq)) + d_1 \times pr(Qq) + d_2 \times pr(qQ) + e_{ijk}$$

Con los resultados de este segundo modelo se ha realizado un test de comparación de medias, entre los efectos asociados a cada tipo de heterocigoto, mediante el cálculo del siguiente estadístico:

$$t = \frac{d_1 - d_2}{\sqrt{\sigma^2_{d1} - \sigma^2_{d2}}}$$

RESULTADOS Y DISCUSION

Los resultados obtenidos con el Modelo I se presentan en la Tabla 2. Se han encontrado 20 efectos significativos a lo largo de los 18 autosomas porcinos, teniendo en cuenta umbrales de significación al 5%(*), 1% (**) y 0.1%(***) a nivel genómico. Estos umbrales de significación se calcularon mediante técnicas de permutación (Chuchill y Doerge, 1994). Los 20 efectos pueden ser asociados a 7 posibles genes de expresión cuantitativa (QTL). En el cromosoma 2 se detecta un QTL en torno a la posición 60 que afecta al área del lomo. En el cromosoma 4 se detectan, por una parte, un QTL en torno a la posición 70, relacionado con el metabolismo de ácidos grasos y la cantidad de grasa de la canal, manteniendo constante el porcentaje de grasa intramuscular, y, por otra parte, un QTL alrededor de la posición 110 que afecta al color de la canal. En el cromosoma 6 se observa un QTL que afecta a la cantidad de grasa, porcentaje de grasa intramuscular y composición de ácidos grasos, y otro en torno a la posición 30 que afecta al índice de insaturación. En los cromosomas 7 y 8 se observan posibles genes asociados a la cantidad de pigmentos y a la composición de ácidos grasos, respectivamente.

El análisis con el Modelo II, que permite detectar efectos de *imprinting*, se realizó para los 20 caracteres en los 18 autosomas porcinos, ofreciendo resultados significativos al 5% en 19 casos, dentro del margen esperado por azar. En particular, en el análisis de los 20 casos que mostraban efecto significativo con el Modelo I, el test de comparación ofreció resultados negativos en todos los casos. Los valores de t oscilaron entre –1.32 y 1.56, siempre por debajo de los umbrales de significación. Por lo tanto, podemos concluir que en el cruce F2 Ibérico x

Landrace descrito no se detecta ningún efecto significativo de *imprinting*, pese a que los caracteres analizados son, en algunos casos, similares a los descritos por Nezer et al. (1999), Jeon et al. (1999), De Koning et al. (2000).

Tabla 2. Efectos de QTLs significativos y resultados de *imprinting*.

CHR	CARÁCTER	F	Pos	a (Mod. I)	d (Mod. I)	d_1 (Mod II)	d_2 (Mod. II)	t
2	PRL34	*	54	-2.51±0.56	0.99±0.90	1.90±1.03	0.30±1.06	1.08
2	AL	**	68	-1.84±0.36	0.25±0.52	0.15±0.62	0.37±0.65	-0.24
4	Long.	**	69	-1.03±0.21	0.05±0.33	-0.03±0.42	0.07±0.38	-0.06
4	PRG34	***	71	3.71±0.52	-0.70±0.78	-0.60±1.01	-0.76±0.93	0.11
4	DBI	*	73	-1.01±0.23	-0.26±0.33	-0.43±0.44	-0.11±0.39	-0.54
4	C18:2	***	75	-0.65±0.11	-0.00±0.16	-0.11±0.21	0.07±0.19	-0.61
4	PI	***	75	-0.74±0.13	-0.05±0.19	-0.18±0.25	0.05±0.22	-0.69
4	PG	***	75	0.24±0.04	-0.06±0.07	-0.06±0.08	-0.06±0.08	0.03
4	G2	*	90	1.83±0.46	-1.09±0.70	-1.16±0.89	-1.03±0.81	-0.11
4	L*	***	109	-1.84±0.32	0.29±0.53	-0.42±0.67	0.79±0.63	-1.32
4	Hem.	*	109	2.29±0.59	-1.21±0.97	-0.35±1.22	-1.78±1.14	-0.86
6	UI	*	34	-0.06±0.02	-0.11±0.04	0.10±0.03	0.02±0.04	1.56
6	PG	***	100	0.25±0.05	-0.20±0.07	-0.18±0.08	-0.23±0.09	0.40
6	% GIM	***	101	0.34±0.05	-0.17±0.08	-0.24±0.09	-0.10±0.09	-1.08
6	PRG34	***	103	4.49±0.58	-2.36±0.87	-2.43±1.00	-2.27±1.04	0.12
6	DBI	*	105	-0.83±0.26	0.99±0.38	1.44±0.44	0.46±0.44	1.56
6	PRL34	*	111	-1.79±0.52	1.74±0.75	1.94±0.82	1.26±0.84	0.57
6	AL	***	116	-2.02±0.43	1.94±0.66	2.31±0.76	1.53±0.78	0.71
7	Hem.	*	87	2.13±0.54	1.70±0.78	2.51±0.99	0.94±1.01	1.10
8	ACL	**	86	-1.41±0.28	0.42±0.42	-0.04±0.50	0.98±0.53	-1.39

REFERENCIAS

Churchill G A, Doerge R W. 1994. Genetics 138:963-971.

Clop A, Ovilo C, Pérez-Enciso M, Cercos A, Tomás A, Coll A, Folch J M, Barragan C, Díaz I, Oliver M A, Varona L, Sanchez A, Noguera J L. 2001. ITEA (sometido).

De Koning D J, Rattink A P, Harlizius B, Van Arendonk J A M, Brascamp E W, Groenen M A M. 2000. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 97:7947-7950.

Jeon J., Carlborg O, Tornsten A, Giuffra E, Amarger V, Chardon P, Andersson-Eklund L, Andersson K, Hansson I, Lundstron K, Andersson L. 1999. Nature Genetics 21:157-158.

Morrison I M, Paton C J, Cleverley S D. 2001. Nucleic Acids Research 29:275-276

Nezer C, Moreau L, Brouwers B, Coppieters W, Detilleux J, Hanset R, Karim L, Kvasz A, Leroy P, Georges M. 1999. Nature Genetics 21:155-156.

Ovilo C, Pérez-Enciso M, Barragan C, Clop A, Rodriguez M C, Oliver M A, Toro M A, Noguera J L. 2000. Mamm. Genome 11:344-346.

Pérez-Enciso M, Clop A, Noguera J L, Ovilo C, Coll A, Folch J M, Babot D, Estany J, Oliver MA, Díaz I, Sánchez A. 2000. J. Anim. Sci. 78:2525-2531.

Sleutels F, Barlow D P, Lyle R. 2000. Curr. Opin. Genet. Dev. 10:229-233.