# EFECTO DEL GEN *SCD* EN EL RENDIMIENTO REPRODUCTIVO DE LAS CERDAS

Solé[1], E., Pena[1], RN., Tor[1], M., Reixach[2], J. y Estany[1], J.
[1] Departament de Ciència Animal, Universitat de Lleida - Agrotecnio Center, 25198 Lleida.
[2]Selección Batallé, 17421 Riudarenes, Girona
emma.sole@ca.udl.cat

## INTRODUCCIÓN

La composición de la grasa, y en particular el contenido de ácido oleico, tiene cada vez más importancia en la calidad tecnológica, nutricional y sensorial de la carne. La estearoil-CoA desaturasa (*SCD*) es una desaturasa Δ-9 de ácidos grasos que interviene en la biosíntesis de ácidos grasos monoinsaturados (MUFA). Estany et al. (2014) demostraron que los cerdos portadores del alelo T del polimorfismo AY487830: g.2228T>C, ubicado en la región promotora del gen *SCD*, tienen una mayor proporción de MUFA en su grasa. En experimentos posteriores hemos comprobado que el cambio que este polimorfismo provoca en la composición de la grasa no afecta ni el peso vivo ni el contenido total de grasa, pero desconocemos, sin embargo, si influencia los caracteres reproductivos. En vacuno, se ha observado que un polimorfismo similar, localizado en el primer exón del gen, y que modifica el contenido de MUFA de la leche, podría influir en el rendimiento reproductivo de las vacas (Mele et al., 2007; Nanaei et al., 2014). La composición de las reservas grasas durante la gestación puede afectar la composición de la leche y ésta a su vez el posterior rendimiento reproductivo. En esta línea, Skrzypczak et al. (2015) observaron que el contenido de ácidos grasos insaturados en el calostro y la leche se relacionaba favorablemente con el peso y la mortalidad de los lechones. El consumo de leche rica en ácidos grasos poliinsaturados (PUFA) durante las primeras horas de vida de los lechones podría proporcionar funciones inmunológicas beneficiosas para su supervivencia (Leskanich y Noble, 1999).

En el presente trabajo se ha analizado el efecto del polimorfismo AY487830: g.2228T>C del gen *SCD* sobre el número y el peso de lechones producidos por parto, además de sobre el contenido y la composición de la leche materna.

## MATERIAL Y MÉTODOS

**Animales y registros.** Se utilizaron 1.190 cerdas Duroc, todas ellas con genotipo *SCD* conocido, cuyo rendimiento reproductivo se controló durante tres años (2016-2018). Se registraron entre 1 a 7 partos por cerda hasta un total de 3.687 partos. Las cerdas se criaron en la misma granja y bajo el mismo sistema de manejo y alimentación, que fue el habitual en condiciones comerciales. De cada parto, se anotó el número de nacidos totales (NT), nacidos vivos (NV) y nacidos muertos (NM). En 2.516 de los partos, se registró además el número de destetados (ND), el peso de la camada (PCA) y el peso medio del lechón (PML). Las camadas se pesaron cuatro días antes (a los 22,8 días, DS 2,02) del final de la lactación (26,76 días, DS 1,97). La distribución de las cerdas según su genotipo *SCD* se muestra en la **Tabla 1.**

Además, a 81 cerdas, la mayoría elegidas al azar en un lote, se les tomó una muestra de leche a los seis días (5,9 días, DS 2,8) después de su primer parto. Se recolectaron unos 15 ml de leche de las mamas ventrales e inguinales previa inyección de 2 ml de oxitocina vía intramuscular. Las muestras fueron congeladas a -20ºC hasta su procesado.

**Genotipado.** El genotipo del polimorfismo *SCD* AY487830: g.2228T>C se determinó a partir de ADN aislado de una muesca de oreja mediante un protocolo de High Resolution Melt (Luminaris Color HRM Master Mix, ThermoFisher) en un termociclador a tiempo real (QuantStudio 3, LifeTechnologies), según se indica en Estany et al. (2014).

**Determinación composición ácidos grasos.** La determinación del contenido graso de la leche se realizó por gravimetría siguiendo una adaptación del método propuesto por Feng et al. (2004) y la de su composición en ácidos grasos (hasta 28) mediante cromatografía de gases de acuerdo con Bosch et al. (2009). Todas las muestras se determinaron por duplicado.

**Análisis de datos.** El efecto del polimorfismo *SCD* sobre NT, NV y NM se analizó con un modelo que incluyó el efecto año-estación (11 niveles), orden de parto (de 1 a 7) y genotipo *SCD* de la cerda (CC, CT y TT), como efectos fijos, y la cerda como efecto aleatorio. El mismo

modelo se utilizó para ND, pero añadiendo la covariable número de lechones al inicio de la lactación. Para PCA y PML, se incorporó al modelo como covariables el número de cerdos pesados y los días de lactación. La materia grasa y la composición en ácidos grasos de la leche se analizaron mediante un modelo que incluyó el genotipo, los días de lactación y la materia grasa (sólo en los ácidos grasos). Los análisis se realizaron utilizando el paquete estadístico JMP Pro13 (SAS Institute Inc, Cary, NC). La diferencia entre genotipos se contrastó mediante la prueba de Tukey-HSD.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El genotipo *SCD* no afectó ni al tamaño de la camada ni al peso de los lechones al destete, no observándose por otra parte ninguna tendencia relevante que pudiera sugerir la existencia de un efecto (**Tabla 1**). No existen otros estudios en porcino que hayan estudiado el efecto del gen *SCD* sobre el rendimiento reproductivo de una cerda. Los únicos efectos descritos son en vacuno de leche y se refieren a la duración de la gestación y del periodo de secado (Nanaei et al., 2014). Por el contrario, y a pesar de la poca potencia del diseño experimental utilizado, los resultados obtenidos indican que el gen *SCD* puede afectar la composición de la leche (**Tabla 2**) y además en el sentido esperado en relación con lo observado en la grasa intramuscular y subcutánea (Estany et al., 2014). El genotipo *SCD* influye en el porcentaje de ácido oleico (C18:1,n9) de la leche de cerda, así como en el de algunos otros ácidos grasos poco abundantes (C8:0; C20:2; y C24:0). En particular, la leche de las cerdas portadoras del alelo T (TT y CT vs. CC) resulta, porcentualmente, más rica en C18:1,n9 (3,35% ± 1,71, $p<0,10$) y MUFA (2,59% ± 1,28, $p<0,05$) y menos en SFA (-2,13% ± 1,14, $p<0,10$). En consecuencia la leche de estas cerdas presente una relación MUFA/SFA más favorable (0,16 ± 0,07, $p<0,05$). No nos consta hasta la fecha ningún estudio en porcino que haya investigado el efecto del gen *SCD* en la composición de la leche, pero sí en vacuno, donde se ha descrito la existencia de un alelo que pudiera estar asociado a más MUFA, pero también a una menor producción de leche (Carvajal et al., 2016).

**Tabla 1.** *Medias mínimos-cuadráticas (±error estándar) del número de nacidos totales, vivos, muertos y destetados por parto y del peso medio del lechón según genotipo SCD.*

| | Genotipo *SCD* AY487830:g.2228T>C | | |
|---|---|---|---|
| | TT | CT | CC |
| Número de cerdas | 1620 | 1916 | 151 |
| Nacidos totales | 11,67 ± 0,17 | 11,68 ± 0,16 | 11,74 ± 0,33 |
| Nacidos vivos | 10,76 ± 0,17 | 10,70 ± 0,16 | 10,79 ± 0,33 |
| Nacidos muertos | 0,91 ± 0,07 | 0,98 ± 0,07 | 0,95 ± 0,14 |
| Número de destetados | 9,7 ± 0,05 | 9,70 ± 0,05 | 9,66 ± 0,12 |
| Peso camada | 54,05± 0,3 | 53,95± 0,3 | 53,48± 0,8 |
| Peso medio lechón | 5,54 ± 0,03 | 5,53 ± 0,03 | 5,47 ± 0,08 |

Ninguna diferencia entre genotipos fue significativa ($p>0,05$)

**Tabla 2.** *Medias mínimos-cuadráticas (±error estándar) de la materia grasa y de la composición de la leche según genotipo SCD (SFA: ácidos grasos saturados; MUFA: ácidos grasos monoinstaurados; PUFA: ácidos grasos polinsaturados).*

| | Genotipo SCD AY487830:g.2228T>C | | |
|---|---|---|---|
| | TT | CT | CC |
| Número de cerdas | 17 | 57 | 7 |
| Materia grasa, % | 5,26 ± 0,47 | 5,83 ± 0,26 | 6,98 ± 0,74 |
| SFA,% | 36,17 ± 0,67 | 36,01 ± 0,36 | 38,22 ± 1,07 |
| MUFA,% | 46,81 ± 0,75$^{AB}$ | 47,57 ± 0,41$^{A}$ | 44,60 ± 1,20$^{B}$ |
| PUFA,% | 17,01 ± 0,54 | 16,41 ± 0,29 | 17,18 ± 0,85 |
| C18:1,n9 | 33,98 ± 1,01$^{ab}$ | 35,52 ± 0,55$^{a}$ | 31,40 ± 1,60$^{b}$ |
| MUFA/SFA | 1,31 ± 0,04 | 1,34 ± 0,02 | 1,17 ± 0,07 |
| C16:1,n9/C16:0 | 0,34± 0,02 | 0,31± 0,01 | 0,34± 0,03 |
| C18:1,n9/C18:0 | 8,99 ± 0,31 | 8,77 ± 0,17 | 7,90 ± 0,49 |

$^{a,b}$ Letras distintas indican diferencias significativas entre genotipos ($p<0,05$)
$^{A,B}$ Letras distintas indican diferencias significativas entre genotipos ($p<0,1$)

En conclusión, los resultados obtenidos indican que el efecto favorable del alelo T del polimorfismo AY487830:g.2228T>C del gen *SCD* sobre el contenido de MUFA en la grasa subcutánea e intramuscular se replica en la composición de la leche de la cerda, pero que su efecto no es determinante para modificar ni su rendimiento reproductivo ni el peso de los lechones al destete.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Bosch, L. et al. 2009. Meat Sci. 82 : 432. • Carvajal, A. M. et al. 2016. Genet. Mol. Res. 9: 15(2). • Estany, J. et al. 2014. PLoS One. 9: e86177. • Feng, S. et al. 2004. J. Dairy Sci. 87:3785. • Leskanich, C. O. & Noble, R. C. 1999. Br. J. Nutr. 81: 87-106. • Mele, M. et al. 2007. J. Dairy Sci. 90: 4458–4465. • Nanaei, H. A. et al. 2014. Reprod. Dom. Anim. 49: 769–774. • Skrzypczak, E. et al. 2015. Anim. Sci. J. 86:83-91.

**Agradecimientos:** Trabajo financiado por el proyecto AGL2015-65846-R y fondos FEDER. E. Solé es beneficiaria de una beca doctoral de la Universidad de Lleida.

## EFFECT OF THE *SCD* GENE ON REPRODUCTIVE TRAITS IN PIGS

**ABSTRACT:** The aim of the study was to investigate the effect of the AY487830: g.2228T>C polymorphism at the *SCD* gene on litter size (total number of piglets born; number of piglets born alive and number of weaned piglets) and weaning weight. The effect of the polymorphism on fat content and composition of the milk was also investigated. Data from 3.687 litters and 81 milk samples were used in the experiment. No differences between *SCD* genotypes were observed for litter size, litter weight and average weaning weight. However, results indicated that the milk from sows carrying the T allele, in line with what occurs in the adipose tissue, can be more prone to accumulate monounsaturated fatty acids. The biological implications of this are unknown but they do not seem to impair reproductive performance.

**Keywords:** *SCD,* pigs, fatty acid, milk, litter size.