

## EFFECTO DE DOS SNP EN LA REGION 3' UTR DEL GEN *PPARGC1A* EN CARACTERES PRODUCTIVOS, DE CALIDAD DE LA CANAL Y CARNE EN PORCINOS DE RAZA LANDRACE

Lett, D.A.<sup>1</sup>; Fassa, V.B.<sup>1</sup>; Carden, T.R.<sup>3</sup>; Marini, S.<sup>4</sup>; Carduza, F.<sup>5</sup>; Pinto, G.B.<sup>1</sup>; Lloveras, M.R.<sup>2</sup>; Marrube, G.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Área de Genética. Facultad de Ciencias Veterinarias UBA, <sup>2</sup>INTA Estación Experimental Agropecuaria Pergamino. <sup>3</sup>Facultad de Cs Exactas y Naturales, UBA, <sup>4</sup>INTA Estación Experimental Agropecuaria Marcos Juárez <sup>5</sup>Instituto de Tecnología de Alimentos; INTA Castelar

### INTRODUCCION

Los criterios de selección en producción porcina se han focalizado fundamentalmente en contenido de magro con el concomitante deterioro de la calidad de carne. Los marcadores moleculares pueden utilizarse para mejorar la calidad de la misma como también para seleccionar caracteres de tipo productivo y cortes magros. *PPARGC1A* (Peroxisome proliferator activated receptor  $\gamma$  coactivator 1  $\alpha$ ) es un activador transcripcional involucrado en varios procesos biológicos. Se identificaron dos SNPs en la región 3' UTR del mismo, 2690T>C y 2864 T>C asociados a caracteres de calidad de carne, y tipos de fibra (Lee y col. 2012). El objetivo del presente trabajo fue realizar un estudio de asociación en animales de raza Landrace con diferentes caracteres productivos, de calidad de la canal y de la carne.

### MATERIALES Y METODOS

60 cerdos de la raza Landrace, mitad machos castrados y mitad hembras fueron alojados en boxes y alimentados a voluntad con una ración standard desde los 60 a los 90 Kg de peso vivo. Durante éste período se registró la velocidad de crecimiento, la conversión alimenticia y el espesor de grasa dorsal. Al finalizar la prueba se procedió a la extracción de una muestra de sangre para la posterior genotipificación de 48 animales que fueron faenados. Se procedió al estudio de las canales en las que se determinó el contenido de magro, el espesor de la grasa subcutánea dorsal y la profundidad del músculo *longissimus dorsi*. A los 45 minutos post mortem el pH 45 fue medido y de cada canal izquierda se procedió a la toma de un bloque de lomo entre la 9ª y 11ª costilla registrándose el color de la grasa y el músculo. Posteriormente los bloques identificados fueron refrigerados y transportados al ITA para el análisis de pH<sub>24</sub>, color del músculo y la grasa, terneza, drip loss y mermas por cocción.

Genotipificación: Se aisló el ADN a partir de sangre entera con el kit comercial Illustra blood genomicPrep Mini Spin Kit (GE Healthcare). Se analizaron los SNPs 2690 T>C y 2864 T>C del gen *PPARGC1A* (GenBank EU088376.1) por PCR y posterior secuenciación de los correspondientes amplicones en un equipo ABI3130XL.

Se realizó el análisis de variancia y para la comparación de medias se utilizó la prueba de t de Student (SAS Institute Inc., Cary, NC, USA).

### RESULTADOS

Las frecuencias genotípicas fueron: SNPs 2690; TT (0.875) y TC (0.125) y SNP; 2864 TT (0.708) y TC (0.291). No se detectó el genotipo CC para ninguno de los dos polimorfismos.

De los caracteres analizados sólo se hallaron diferencias significativas para el carácter merma por cocción (29,8 vs 27,9; *p* valor 0.04) en la posición 2864 siendo el genotipo TC el favorable para éste carácter de capital importancia para la industria.

### DISCUSION

Las frecuencias genotípicas no son semejantes a las halladas por Lee y col. (2012) para la raza Landrace, debido que en nuestro caso el genotipo CC estuvo ausente para ambos polimorfismos.

Nuestro ensayo no encontró diferencias significativas con respecto a los caracteres analizados en la posición 2690 T>C en contra oposición al trabajo de Lee y col. (2012) que lo hallaron asociado a pH<sub>45</sub>. En relación al SNP 2864 T>C, estos autores hallaron diferencias para pH<sub>45</sub>, drip loss y luminosidad del músculo. En el presente trabajo sólo hallamos diferencias significativas para el carácter merma por cocción, siendo el genotipo TC el favorable. Los resultados encontrados podrían ser debidos a las diferencias en las frecuencias génicas entre la muestras de animales en ambos ensayos. En nuestro caso la frecuencia del alelo C para ambos polimorfismos fue muy baja de 0.0625 para el SNP en 2690 y de 0.1455 para el SNP en 2864 en relación a los informados por Lee y col. (0.34 y 0.35) respectivamente para ambas posiciones. En un SNP diferente (1288 T>A) Gandolfi y col. (2011) encontraron efecto significativo para merma por cocción que en este caso los autores lo relacionan con mediciones de pH más bajas.

Todos los animales analizados fueron negativos para el gen RYR1.

Estos resultados sugieren la importancia de este gen como un marcador molecular que pueda ser utilizado en programas de selección. En el caso particular del carácter merma por cocción el SNP en la posición 2864 debería ser analizado en razas y/o líneas porcinas utilizadas en la industria procesadora para definir su efecto sobre un carácter relevante en dicha actividad.

### BIBLIOGRAFIA

Gandolfi y col. (2011). Association of *PPARGC1A* and *CAPNS1* gene polymorphisms and expression with meat quality traits in pigs. *Meat Science* 89: 478-485.

Lee y col. (2012). Effects of polymorphisms in the 3' untranslated region of the porcine *PPARGC1A* gene on muscle fiber characteristics and meat quality traits. *Mol. Biol. Rep.* 39(4) 3943-50.

SAS Software Versión 8 (2004). Cary, NC, USA: SAS Institute Inc. Van Wijk, H. J., Arts, D. J. G., Matthews, J. O., Webster, M., Ducro, B.

### Financiamiento

Proyectos: 2013-PNPA 1126033 y UBACyT 2012-2015. Código 20020110100018