

21/3/2011

## Primera secuencia parcial del genoma del cerdo ibérico

Investigadores de la Facultad de Veterinaria de la Universidad Autónoma de Barcelona (UAB) y del Centro de Investigación en Agrigenómica (CRAG), del Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona y del Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria de Madrid acaban de publicar la primera secuencia parcial del genoma de un cerdo ibérico. En concreto, utilizando las nuevas técnicas de secuenciación de alto rendimiento, se ha secuenciado y analizado un 1% del total del genoma. Se da la circunstancia, además, de que es ésta la primera secuencia de porcino publicada. El trabajo, coordinado por el investigador ICREA Miguel Pérez-Enciso, ha sido publicado en la edición en línea de la revista *Heredity* (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21407255>).

El animal secuenciado es una hembra de la estirpe Guadyervas, una línea muy particular que se ha mantenido aislada (en pureza) en una finca experimental de la Junta de Castilla-La Mancha en Oropesa, Toledo, desde 1945, gracias a los esfuerzos de investigadores del INIA durante años. La línea Guadyervas representa, por tanto, una de las pocas estirpes originales de cerdo ibérico que se mantienen en nuestro país. Son animales de mucho apetito, crecimiento lento, muy grasos, lampiños y de capa negra. Los equipos de la UAB y del INIA han utilizado estos animales en numerosos experimentos para identificar la base genética de la calidad de la carne en el cerdo ibérico. Se espera, por tanto, que su secuencia completa dará pistas sobre éstos y otros caracteres.

El animal secuenciado es muy consanguíneo, debido a que el rebaño se ha mantenido aislado durante más de 50 años, por lo que se esperaba que fuera muy 'homogéneo', esto es, que presentara muy poca variabilidad. Sin embargo, los datos de la secuencia de esta cerda arrojan algunos resultados sorprendentes, por ejemplo, que la variabilidad de esta línea es mucho más elevada de lo esperado. A pesar de su alta consanguinidad, se observa una diversidad que representa aproximadamente la mitad de la existente en todas las poblaciones europeas. Este aspecto es importante desde el punto de vista de la conservación, puesto que demuestra que el cerdo ibérico es muy representativo de las poblaciones europeas.

También existen regiones del genoma mucho más uniformes, sin variabilidad. Por ejemplo, el cromosoma sexual (X) es mucho más uniforme de lo que predice la teoría. La comparación entre regiones de alta y baja variabilidad dará pistas sobre qué genes son más importantes para el cerdo ibérico. Entre las regiones de más variabilidad se encuentran genes relacionados con el sistema olfatorio y sistema inmunitario; entre las menos variables, genes relacionados con el metabolismo de carbohidratos.

El estudio de las regiones con diferencias más altas entre el cerdo blanco y el ibérico informará a los investigadores y a los criadores sobre por qué un cerdo ibérico tiene las características especiales que lo hacen único desde un punto de vista genético. Este análisis, aún más detallado, debe esperar a que se acabe de analizar la secuencia completa del cerdo, que lleva a cabo un consorcio internacional y que deberá estar terminado este año.

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21407255>

*Artículo de referencia: Partial short-read sequencing of a highly inbred Iberian pig and genomics inference thereof. Esteve-Codina A, Kofler R, Himmelbauer H, Ferretti L, Vivancos AP, Groenen MA, Folch JM, Rodríguez MC, Pérez-Enciso M. Heredity. 2011 Mar 16.*

[Más información sobre porcino](#)



---

Con la excepción de las disposiciones legales, está expresamente prohibida la reproducción y redifusión sin nuestro permiso expreso de todo o parte del material contenido en esta web, incluyendo como tal la hipervinculación en páginas de marcos.