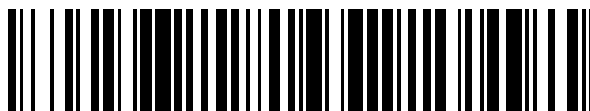


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 717 958**

51 Int. Cl.:

C12Q 1/6876 (2008.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **27.09.2013** **PCT/ES2013/070670**

87 Fecha y número de publicación internacional: **03.04.2014** **WO14049191**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **27.09.2013** **E 13795809 (6)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **02.01.2019** **EP 2902498**

54 Título: **Polimorfismos asociados con el grado de insaturación de la grasa intramuscular en cerdos**

30 Prioridad:

28.09.2012 ES 201231507

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:

26.06.2019

73 Titular/es:

**UNIVERSITAT DE LLEIDA (100.0%)
Pl. de Victor Siurana, 1
25003 Lleida, ES**

72 Inventor/es:

**ESTANY ILLA, JOAN;
PENA SUBIRÀ, RAMONA NATACHA y
TOR NAUDI, MARC**

74 Agente/Representante:

ARIAS SANZ, Juan

ES 2 717 958 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Polimorfismos asociados con el grado de insaturación de la grasa intramuscular en cerdos

5 **Campo de la invención**

La presente invención se encuadra dentro del campo de la Genética y, más concretamente, en métodos genéticos para la identificación de cerdos que presenten grasas con alto contenido en ácidos grasos monoinsaturados en base a la presencia de marcadores genéticos. La invención se relaciona también con métodos para criar cerdos que presenten grasas con alto contenido en ácidos grasos insaturados.

Antecedentes de la invención

La grasa animal es un componente esencial de la carne para la percepción de su textura, sabor y jugosidad. Constituye además una fuente de ácidos grasos que no pueden ser sintetizados por el ser humano.

La proporción de grasa en la carne varía dependiendo del producto cárnico, de la especie animal y del sistema de producción del animal. La fracción lipídica comprende entre el 12-20% del peso del cerdo listo para el mercado. Valores inferiores son generalmente consecuencia de la raza o de criterios comerciales.

Existe un creciente interés en determinar la composición de la grasa presente en la carne de consumo humano que proviene principalmente de la necesidad actual que existe en la industria de encontrar procedimientos que permitan producir una carne más saludable. Ello está avalado por los resultados obtenidos por varios autores que relacionan la composición de la grasa intramuscular con la salud cardiovascular, la obesidad o el riesgo de sufrir enfermedades cancerígenas. Es por tanto necesario disponer de métodos fiables que permitan predecir la composición de la grasa presente en la carne para el consumo humano.

Las declaraciones nutricionales identifican los alimentos que son fuente de nutrientes beneficiosos para la salud que se deben de consumir con una frecuencia elevada así como alimentos fuentes de nutrientes que han de consumirse con una periodicidad menor por no ser saludables. En cuanto al contenido de grasas en los alimentos, el reglamento nutricional establecido en la Comunidad Europea establece que un alimento tiene un alto contenido en grasas monoinsaturadas, si al menos un 45% de los ácidos grasos presentes en el producto proceden de grasas monoinsaturadas y si dichas grasas aportan más del 20% del valor energético del producto. El consumo moderado de grasas monoinsaturadas está aconsejado por la Organización Mundial de la Salud debido a las propiedades beneficiosas que confieren como, por ejemplo, ayudando a controlar los niveles de colesterol en sangre (CINDI dietary guide, EUR/00/5018028).

El contenido en grasa muscular y su composición son dos características, entre otras, que definen la calidad de la carne de cerdo, en especial aquella cuyo destino es el mercado de curados. De ahí el interés de las empresas de mejora de productos porcinos y de las fábricas de piensos en conocer cómo evolucionan estas características con la edad y el peso del animal para poderlos controlar o modificar, según el caso.

La variedad en la composición de ácidos grasos en el tejido adiposo y en músculo tiene efectos muy notables en la calidad de la carne. La composición en ácidos grasos determina la textura y la oleosidad del tejido adiposo así como la estabilidad oxidativa del músculo, lo que a su vez afecta al sabor y al color del músculo.

Un contenido elevado en ácidos grasos poli-insaturados, PUFA (del inglés "*poly-unsaturated fatty acids*") provoca efectos adversos en la calidad de la carne. Dichos efectos se reflejan tanto en el tiempo de conservación de la carne (debido a la oxidación de los lípidos y de la mioglobina) como en el sabor de la misma. Sin embargo, un contenido elevado en ácidos grasos monoinsaturados, MUFA (del inglés, "*mono-unsaturated fatty acids*") es un distintivo de calidad debido a que estos ácidos grasos afectan favorablemente a las propiedades organolépticas (aspecto visual, textura, jugosidad y sabor) y nutritivas de la carne. Además, en el caso de los cerdos se ha comprobado que también tiene efectos positivos en el proceso de curación del jamón.

La dieta, la edad del animal así como factores genéticos (por ejemplo raza, sexo o genotipo) afectan a la composición de ácidos grasos en los tejidos y por tanto a la calidad de la carne. Los programas de mejora genética porcina se han dirigido tradicionalmente a la mejora de los caracteres reproductivos y productivos, destacando entre estos últimos los relacionados con la calidad del canal, y los reproductivos.

La producción de grasas monoinsaturadas en el cerdo se puede aumentar, por ejemplo, mediante la modificación de la dieta, postergando la edad de sacrificio del animal o practicando la castración. Sin embargo estas técnicas conllevan un aumento en la grasa intramuscular, tienen un coste elevado y el resultado conseguido en el animal no se trasmite a la descendencia.

El análisis físico-químico de la carne y sus derivados es un procedimiento necesario para garantizar la calidad del producto. Entre los parámetros analizados, se determina el porcentaje de grasa presente en la muestra

mediante el método establecido en la Norma ISO R-1443 (BOE 29/8/79) o variaciones del mismo. Este método, que permite determinar el porcentaje de grasa total (en peso seco), consiste en la extracción de la grasa de la muestra utilizando disolventes orgánicos que posteriormente se evaporan, pesando finalmente el residuo seco obtenido.

El análisis cuantitativo de la grasa en la carne también puede llevarse a cabo mediante espectrometría de infrarrojo cercano. Esta radiación es absorbida prácticamente por todas las moléculas y, por tanto, se pueden diferenciar los diversos componentes de la misma. Pese a que se trata de una técnica rápida y no destructiva de la muestra que requiere poca o ninguna preparación de la misma, es una metodología que no permite ser aplicada en un animal vivo (Bosch et al 2009, Meat Science 82 (4) 432-437). La determinación del contenido de MUFA en la grasa de animales vivos ha de hacerse mediante una biopsia, técnica que es considerada invasiva, que afecta al bienestar animal y que no es recomendada en un análisis rutinario.

Uemoto Y., et al. (Animal Gen., 2011, 43: 225-228) han descrito distintos haplotipos asociados a un mayor contenido en MUFA en la grasa muscular del cerdo. En particular, se identificó la completa asociación de dos SNP (g.-353C>T y g.-233T>C) en la región promotora del gen *SCD*, y mostraron tener un fuerte efecto en la composición de los ácidos grasos y el punto de fusión de la grasa.

Ren J. et al. (Animal Gen., 2004, 35: 255-257) también describe SNP conocidos en el gen *SCD*, tales como g.-353C>T y g.-233T>C.

El documento KR20120072871 (A) describe un método de predicción del contenido en ácidos grasos insaturados en cerdos mediante la detección de un SNP 1-27 o 29-42.

Existe, sin embargo, una necesidad en el estado de la técnica de desarrollar un método que permita mejorar los métodos de determinación de los niveles de MUFA en animales vivos para su aplicabilidad en procesos de selección, cría y clasificación de animales destinados al mercado de calidad o destinados a producir derivados cárnicos.

Descripción breve de la invención

Los autores de la presente invención han identificado la existencia de una posición polimórfica en la región promotora del gen estearil-coenzima A desaturasa porcino (*SCD*, del inglés *Stearoyl Coenzyme A Desaturase*). En concreto, se trata de la posición 2281 en base a la numeración de la secuencia AY487830 en la base de datos NCBI con fecha de 15 de septiembre de 2004 (correspondiente a la posición -180 con respecto al codón de inicio de la traducción), que puede estar ocupada por una "G" o por una "A" (polimorfismo SNP3 (2281G/A)). Adicionalmente, los autores de la presente invención han encontrado que, sorprendentemente, la presencia de una A en al menos un alelo de dicha posición polimórfica del gen *SCD* se correlaciona de forma estadísticamente significativa con niveles elevados de ácidos grasos monoinsaturados (MUFA) en la grasa intramuscular del animal (véase ejemplos 1-3 de la presente invención). Dicho cambio en el porcentaje de MUFA no va acompañado de cambios en peso del canal ni del animal así como tampoco al porcentaje de magro del canal ni de grasa intramuscular (GIM o IMF, del inglés *Intramuscular Fat*) (véase ejemplo 3 de la presente invención). Los autores de la presente invención han observado que dicho efecto también se produce en cerdos que presentan otros polimorfismos en el gen *SCD*, en concreto, el polimorfismo T/C en posición 2228 y el polimorfismo A/G en posición 15109 (usando en ambos casos la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI).

Estos hallazgos permiten el desarrollo de métodos no agresivos, rápidos y fiables que permitan evaluar tanto en animales vivos como en los productos cárnicos derivados de los mismos si dichos animales son productores de niveles elevados de MUFA.

Descripción detallada de la invención

Polinucleótidos que comprenden la posición polimórfica en posición -180 del gen SCD

Así pues la presente invención se relaciona con la identificación de un SNP en el gen *SCD* porcino y un método que permite evaluar si los animales contienen niveles elevados de MUFA en base al genotipo de SNP en el gen *SCD*.

En un primer aspecto, se describe un polinucleótido aislado que comprende una región de al menos 10 nucleótidos consecutivos de una variante polimórfica del gen *SCD* de *Sus scrofa domestica*, caracterizada por la presencia de una A en posición 2281 en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI y en donde dicha región comprende el nucleótido en posición 2281, o un polinucleótido complementario a dicho polinucleótido.

Tal y como se utiliza en la presente invención, la expresión "polinucleótido", se refiere a un fragmento de ADN o ARN genómicos, que pueden ser monocatenarios o bicatenarios y pueden representar una hebra sentido o antisentido, ácido nucleico péptido (PNA) o cualquier material de tipo ADN o ARN natural. Como entenderán los

expertos en la técnica, cuando el ácido nucleico es ARN, los desoxinucleótidos A, G, C y T son reemplazados por ribonucleótidos A, G, C y U respectivamente. En una divulgación, el polinucleótido comprende un fragmento de ADN que comprende al menos 10 nucleótidos, al menos 15 nucleótidos, al menos 20 nucleótidos, al menos 25 nucleótidos, al menos 30 nucleótidos, al menos 40 nucleótidos, al menos 50 nucleótidos, al menos 60 nucleótidos, al menos 70 nucleótidos, al menos 80 nucleótidos, al menos 90 nucleótidos, al menos 100 nucleótidos, todos ellos consecutivos, de la variante polimórfica del gen *SCD* de *Sus scrofa domestica*.

El término "aislado" se refiere a material que está sustancial o esencialmente libre de componentes que normalmente acompañan al material como se encuentra en su estado nativo. Típicamente, los ácidos nucleicos aislados son al menos aproximadamente un 50%, un 55%, un 60%, un 65%, un 70%, un 75%, un 80% o un 85% puros, habitualmente al menos aproximadamente un 90%, un 91%, un 92%, un 93%, un 94%, un 95%, un 96%, un 97%, un 98% o un 99% puros. Se puede indicar la pureza u homogeneidad mediante un número de medios bien conocidos en la técnica, tales como electroforesis en gel de poliácridamida de una muestra de ácido nucleico, seguida de visualización tras la tinción. Para ciertos fines se necesitará alta resolución y se utilizará HPLC o medios similares para la purificación. Para oligonucleótidos u otros productos sialilados, la pureza se puede determinar usando, por ejemplo, cromatografía en capa fina, HPLC o espectroscopia de masas.

Tal y como se utiliza en la presente invención, la expresión "gen esteroil coA desaturasa (*SCD*) de *Sus scrofa domestica*", se refiere al gen que codifica la proteína esteroil coA desaturasa. La secuencia del gen *SCD* de *Sus scrofa* se encuentra depositada en la base de datos GenBank (versión del 15 de septiembre de 2004) bajo el número de acceso AY487830.1 (SEQ ID NO:1). La secuencia de la región codificante de dicho gen (correspondiente a las regiones 2461 a 2487, 3006 a 3288, 8073 a 8203, 9562 a 9767, 11236 a 11468 y 14423 a 14622 del gen *SCD* descrito en la secuencia AY487830.1) corresponde a la secuencia con número de acceso NM_213781.1 en la base de datos NCBI. La proteína codificada por dicho gen se define en la base de datos UniProtKB/Swiss-Prot, con el número de acceso O02858. Esta proteína participa en la ruta de insaturación de ácidos grasos de cadena larga catalizando la síntesis de ácidos grasos monoinsaturados a partir de ácidos grasos saturados. El principal producto de reacción de *SCD* es el ácido oleico, el cual es obtenido mediante la insaturación del ácido esteárico.

Tal y como se usa en la presente invención, las expresiones "variante polimórfica" o "variante alélica" se usan de forma indistinta para referirse a una forma alternativa de un gen en donde un número variable de posiciones en dicho gen se encuentran ocupadas por un nucleótido alternativo al que aparece en dicho gen. Las variantes polimórficas se diferencian entre sí por la presencia de distintos nucleótidos en puntos denominados SNP o "polimorfismo de un solo nucleótido".

El término "polimorfismo de un solo nucleótido (SNP)" se refiere a un sitio polimórfico ocupado por un solo nucleótido, que es el sitio de la variación entre las secuencias alélicas. El sitio suele ir precedido y seguido por secuencias altamente conservadas del alelo (por ejemplo, las secuencias que varían en menos de 1/100 o 1/1000 miembros de una población). Un SNP surge normalmente debido a la sustitución de un nucleótido por otro en el sitio polimórfico. Los SNP también pueden surgir de la delección de un nucleótido o una inserción de un nucleótido en relación a un alelo de referencia. Típicamente, el sitio polimórfico está ocupado por una base distinta de la de referencia. Por ejemplo, cuando el alelo de referencia contiene la base "T" (timidina) en el sitio polimórfico, el alelo alterado puede contener una "C" (citidina), "G" (guanina), o "A" (adenina) en el sitio polimórfico. Los SNP pueden aparecer en la región codificante de los ácidos nucleicos, en cuyo caso pueden dar lugar a una proteína variante o incluso defectuosa. Estos SNP pueden alterar la secuencia codificante del gen y por lo tanto especificar otro aminoácido (un SNP de sentido erróneo) o pueden introducir un codón de parada (un SNP sin sentido). Cuando un SNP no altera la secuencia de aminoácidos de una proteína, al SNP se le denomina "silencioso". Los SNP pueden aparecer también en las regiones no codificadoras de la secuencia de nucleótidos, incluyendo en la región promotora, en intrones, en las regiones 5'-UTR y/o en regiones 3'-UTR. Cuando el cambio de nucleótido se corresponde con un cambio de aminoácido en la proteína, el polimorfismo puede ser nombrado como "aa1-nn-aa2", donde "aa1" representa el aminoácido original, "nn" corresponde a la posición del aminoácido mutado, y "aa2" representa el aminoácido resultante de la mutación. Sin embargo, cuando el cambio de nucleótido no se corresponde con un cambio en el correspondiente aminoácido, el polimorfismo se nombra indicando la posición del nucleótido que contiene la mutación y el cambio de nucleótido se indica como "mm nt1> nt2", en donde "mm" indica el número del nucleótido en el que se ha producido el cambio, "nt1" representa al nucleótido original y "nt2" el nucleótido cambiado. En general, los SNP representan una de las formas más comunes de las variaciones genéticas y suelen aparecer cuando se altera en el genoma un único nucleótido (por ejemplo, a través de sustitución, adición o delección). Cada versión de la secuencia con respecto al sitio polimórfico se conoce como un alelo del sitio polimórfico. Los SNP se producen a lo largo de todo el genoma, tanto en regiones extragénicas como en regiones codificantes o en sus secuencias reguladoras. Los SNP tienden a ser evolutivamente estables de generación en generación, y, como tal, pueden ser usados para estudiar variaciones genéticas específicas en la población. Algunos SNP pueden estar en regiones no codificantes, por ejemplo, en regiones reguladoras, donde sus posibles efectos funcionales pueden ser muy importantes ya que pueden dar lugar a un "splicing" diferencial o ventajoso o defectuoso o a alteraciones en los niveles de expresión de proteínas. Los SNP, por tanto, pueden servir como indicadores efectivos de los niveles de expresión de proteínas o de la actividad de las mismas.

El término “alelo”, tal como se utiliza en la presente invención, se refiere a una, dos o más formas de un gen, locus o polimorfismo genético. A veces, los diferentes alelos pueden dar lugar a diferentes fenotipos; sin embargo, otras veces los diferentes alelos tendrán el mismo resultado en la expresión de un gen. La mayoría de los organismos multicelulares tienen dos juegos de cromosomas, es decir, son diploides. Estos cromosomas se denominan cromosomas homólogos. Los organismos diploides tienen una copia de cada gen (y un alelo) en cada cromosoma. Si ambos alelos son iguales, son homocigotos. Si los alelos son diferentes, son heterocigotos.

La variante polimórfica de la que deriva el polinucleótido es la variante en posición 2281 en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI, que corresponde a la posición -180 con respecto al codón de iniciación del gen *SCD* de *Sus scrofa*, siendo la adenina de dicho codón de iniciación el nucleótido en posición 1. La variante polimórfica contiene una G en dicha posición.

Sondas y kits adecuados para detectar polimorfismos asociados a un elevado contenido en ácidos grasos monoinsaturados

En otro aspecto, se describe una sonda capaz de detectar el nucleótido en posición 2281 del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI en el gen *SCD* de *Sus scrofa domestica* o en una variante polimórfica en posición 2281 de dicha secuencia.

Las sondas son capaces de hibridar de forma específica con un ácido nucleico que contiene un determinado alelo en una posición polimórfica determinada sin mostrar hibridación detectable con el ácido nucleico que contiene otro alelo en dicha posición polimórfica. Así, la presente divulgación se refiere a sondas que son capaces de hibridar de forma específica con la variante polimórfica del gen *SCD* en la que la posición polimórfica en posición 2281 en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI se encuentra ocupada por una G que no muestra hibridación detectable con la variante polimórfica del gen *SCD* en la que la posición polimórfica en posición 2281 en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI se encuentra ocupada por una A. Alternativamente, la presente divulgación se refiere a sondas que son capaces de hibridar de forma específica con la variante polimórfica del gen *SCD* en la que la posición polimórfica en posición 2281 en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI se encuentra ocupada por una A que no muestra hibridación detectable con la variante polimórfica del gen *SCD* en la que la posición polimórfica en posición 2281 en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI se encuentra ocupada por una G.

El término “sonda”, tal y como se utiliza en el presente documento, se refiere a un oligonucleótido de secuencia definida capaz de hibridar de forma específica con una secuencia complementaria de un ácido nucleico, por lo que puede utilizarse para detectar e identificar secuencias complementarias o sustancialmente complementarias en ácidos nucleicos. La longitud de la sonda puede variar dentro de un amplio intervalo aunque, por razones prácticas, se prefieren sondas de longitud pequeña comprendida entre 15 bases y 30 bases, preferiblemente entre 16 bases y 22 bases. El empleo de sondas de mayor o menor longitud no afectaría a la sensibilidad o especificidad de la técnica, pero podría precisar de la realización de una serie de modificaciones de las condiciones sobre las que se realiza la misma al variar la temperatura de fusión de las mismas y su contenido en GC, lo cual afectaría a la temperatura y tiempo de hibridación fundamentalmente.

Asimismo, el término “hibridación”, tal y como se utiliza en la presente invención, se refiere a la formación de una estructura de tipo dúplex por dos ácidos nucleicos debido al apareamiento de bases complementarias. La hibridación puede ocurrir entre cadenas de ácidos nucleicos totalmente complementarias o entre cadenas de ácidos nucleicos “sustancialmente complementarias” que contienen pequeñas regiones desapareadas. Las condiciones en las que hibridan cadenas de ácidos nucleicos totalmente complementarias se denominan “condiciones estrictas de hibridación” o “condiciones de hibridación específicas de secuencia”. No obstante, se pueden obtener cadenas dobles estables de ácidos nucleicos sustancialmente complementarias bajo condiciones de hibridación menos estrictas, en cuyo caso, el grado de desapareamiento tolerado puede ajustarse mediante ajuste apropiado de las condiciones de hibridación. El experto en la materia puede determinar empíricamente la estabilidad de un dúplex teniendo en cuenta diversas variables, tales como, la longitud y concentración de pares de bases de las sondas, fuerza iónica y la incidencia de los pares de bases desapareados, siguiendo las directrices del estado de la técnica (véase por ejemplo, Sambrook et al., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, N.Y. (1989); y Wetmur, *Critical Reviews in Biochem. And Mol. Biol.* 26 (3/4):227-259 (1991)).

Así, las sondas específicas de alelo de acuerdo a la presente divulgación son capaces de hibridar específicamente con las variantes polimórficas del gen *SCD* caracterizadas por el nucleótido en posición 2281 de dicho gen en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI.

En el contexto de la presente divulgación, por hibridación específica se entiende la capacidad de un primer ácido nucleico de unirse, formar dúplex o hibridarse a un segundo ácido nucleico de forma que el segundo ácido

nucleico puede ser identificado o distinguirse de otros componentes de una mezcla (por ejemplo, extractos celulares, ADN genómico, etc.). La hibridación específica puede llevarse a cabo en condiciones altamente restrictivas o en condiciones restrictivas moderadas.

5 Condiciones típicas de hibridación altamente restrictivas incluyen la incubación en 6 X SSC (1 X SSC: NaCl 0,15 M, citrato de sodio 0,015 M) y formamida al 40% a 42 °C durante 14 horas, seguida de uno o varios ciclos de lavado usando 0,5 X SSC, SDS al 0,1% a 60°C. Alternativamente, condiciones altamente restrictivas incluyen aquellas que comprenden una hibridación a una temperatura de aproximadamente 50°-55° C en 6 X SSC y un
10 lavado final a una temperatura de 68° C en 1-3 X SSC. Las condiciones restrictivas moderadas comprenden la hibridación a una temperatura de aproximadamente 50° C hasta unos 65° C en NaCl 0,2 o 0,3 M, seguida de lavado a aproximadamente 50° C hasta unos 55° C en 0,2 X SSC, SDS 0,1% (dodecil sulfato sódico).

En una divulgación particular, la sonda es capaz de detectar el nucleótido G en la posición -180 del gen
15 *SCD* de *S. scrofa domestica*. En una divulgación más particular, dicha sonda presenta la secuencia de nucleótidos SEQ ID NO: 16.

En otra divulgación particular, la sonda es capaz de detectar el nucleótido A en la posición -180 del gen
20 *SCD* de *S. scrofa domestica*. En otra divulgación más particular, dicha sonda presenta la secuencia de nucleótidos SEQ ID NO: 17.

Las sondas son complementarias o sustancialmente complementarias a secuencias diana específicas contenidas en el gen *SCD* de *S. Scrofa domestica*.

25 Las sondas tendrán una alta homología con las secuencias diana específicas contenidas en el gen *SCD* de *S. Scrofa domestica*. "Alta homología" se refiere normalmente a una homología del 40% o superior, preferiblemente del 60% o superior, más preferiblemente del 80% o superior, incluso más preferiblemente del 95% o superior. La homología de la sonda puede determinarse siguiendo el algoritmo en "Wilbur y Lipman, 1983, Proc Natl. Acad. Sci. USA, 80: 723-30.

30 Opcionalmente, si se desea, las sondas pueden marcarse con el fin de poder detectar posteriormente los fragmentos amplificados. El marcaje puede realizarse por métodos convencionales. Dicho marcaje puede ser directo, para lo cual pueden utilizarse fluoróforos, por ejemplo, Cy3, Cy5, fluoresceína, alexa, etc.; enzimas, por ejemplo, fosfatasa alcalina, peroxidasa, etc.; isótopos radiactivos, por ejemplo, 33P, 125I, etc., o cualquier otro marcador conocido por el experto en la materia. Alternativamente, dicho marcaje puede ser indirecto mediante el
35 empleo de métodos químicos, enzimáticos, etc.; a modo ilustrativo, el producto de amplificación puede incorporar un miembro de un par de unión específica, por ejemplo, avidina o estreptavidina conjugada con un fluorocromo (locus), y la sonda se une al otro miembro del par de unión específica, por ejemplo, biotina (indicador), efectuándose la lectura mediante fluorimetría, etc.

40 Así, en una divulgación particular, el marcaje de la sonda se lleva a cabo mediante el marcaje en uno de sus extremos; que, en otra divulgación todavía más particular, el compuesto empleado en el marcaje de la sonda se selecciona del grupo que consiste en un radioisótopo, un material fluorescente, digoxigenina y biotina. Ejemplos de materiales fluorescentes que se pueden emplear en el marcaje de oligonucleótidos incluyen, sin limitar a, 5-carboxifluoresceína (5-FAM), 6-FAM, análogo tetraclorinado de t-FAM (TET), análogo hexaclorinado de 6-FAM
45 (HEX), 6-carboxitetrametilrodamina (TAMRA), 6-carboxi-X-rodamina (ROX), 6-carboxi-4', 5'-dicloro-2', 7'-dimetoxifluoresceína (JOE), NED, Cy-3, Cy-5, Cy-5.5, fluorescein-6-isotiocinato (FITC), VIC y, tetrametilrodamina-5-isotiocinato (TRITC).

En una divulgación más particular, el marcaje de la sonda que es capaz de detectar el nucleótido A en la
50 posición -180 del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* se lleva a cabo con el compuesto fluorescente 5-carboxifluoresceína (5-FAM).

En otra divulgación más particular, el marcaje de la sonda que es capaz de detectar el nucleótido G en la
55 posición -180 del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* se lleva a cabo con el compuesto fluorescente VIC.

La presente divulgación también contempla kits que comprenden la sonda descrita anteriormente.

En una divulgación preferida, el kit comprende una sonda capaz de detectar el nucleótido en posición 2281 del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso
60 AY487830 en la base de datos NCBI en el gen *SCD* de *Sus scrofa domestica* o en una variante polimórfica en posición 2281 de dicha secuencia. En una divulgación preferida, la sonda es adecuada para la detección de la variante del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la que el nucleótido que ocupa la posición 2281 del gen *SCD* es una G. En una divulgación más preferida, el kit comprende una sonda que comprende la secuencia SEQ ID NO:16.

65

En otra divulgación preferida, la sonda es adecuada para la detección de la variante del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la que el nucleótido que ocupa la posición 2281 del gen *SCD* es una A. En una divulgación más preferida, el kit comprende una sonda que comprende la secuencia SEQ ID NO:17.

En una divulgación, los kits comprenden adicionalmente sondas adecuadas para la detección de otros polimorfismos que están asociados con el contenido en ácidos grasos insaturados en la grasa intramuscular de cerdos. Así, en otra divulgación preferida, el kit comprende adicionalmente una sonda para la detección del nucleótido en posición 2228 y/o una sonda para la detección del nucleótido en posición 15109 en el gen *SCD* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI.

La posición 2228 en el gen *SCD* corresponde a la posición -233 con respecto al codón de iniciación del gen *SCD* de *Sus scrofa*, siendo la adenina de dicho codón de iniciación el nucleótido en posición 1. Dicha posición puede contener una T o una C.

La posición 15109 en el gen *SCD* se localiza en la región 3' no codificante del gen *SCD* y corresponde a la posición 1566 con respecto al codón de iniciación del gen *SCD* de *Sus scrofa*, siendo la adenina de dicho codón de iniciación el nucleótido en posición 1. Dicha posición puede contener una G o una A.

En una divulgación particular, las sondas que forman parte del kit están marcadas en uno de sus extremos con un compuesto fluorescente. En una divulgación preferida dicho compuesto fluorescente se selecciona del grupo que consiste en un radioisótopo, un material fluorescente, digoxigenina y biotina. Ejemplos de materiales fluorescentes que se pueden emplear en el marcaje de oligonucleótidos incluyen, sin limitar a, 5-carboxifluoresceína (5-FAM), 6-FAM, análogo tetraclorinado de t-FAM (TET), análogo hexaclorinado de 6-FAM (HEX), 6-carboxitetrametilrodamina (TAMRA), 6-carboxi-X-rodamina (ROX), 6-carboxi-4', 5'-dicloro-2', 7'-dimetoxifluoresceína (JOE), NED, Cy-3, Cy-5, Cy-5.5, fluorescein-6-isotiocinato (FITC), VIC y, tetrametilrodamina-5-isotiocinato (TRITC).

La divulgación se refiere adicionalmente a cebadores que permiten amplificar de forma específica la región del gen *SCD* de *Sus Scrofa* (número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI) que comprende la posición polimórfica en posición 2281. Así, en otro aspecto, la divulgación se refiere a un kit para detectar el polimorfismo en posición 2281 del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI que comprende un primer y un segundo cebador complementarios a secuencias en el gen *SCD* en posición 5' y 3' con respecto a dicha posición.

Se describe que el primer cebador comprende la secuencia definida en SEQ ID NO:14 y/o en donde el segundo cebador comprende la secuencia definida en SEQ ID NO:15.

Adicionalmente, el kit puede comprender pares de cebadores adicionales que permiten amplificar de forma específica las regiones del gen *SCD* en donde se localizan otras posiciones polimórficas que se asocian con el contenido en ácidos grasos insaturados en la grasa intramuscular de cerdos. Así, en otro aspecto, la divulgación se relaciona con un kit que comprende, adicionalmente, un segundo par de cebadores en donde el primer y segundo cebador de dicho segundo par de cebadores son complementarios a secuencias en el gen *SCD* en posición 5' y 3' con respecto a la posición 2228 de dicho gen y/o un tercer par de cebadores en donde el primer y segundo cebador de dicho tercer par de cebadores son complementarios a secuencias en el gen *SCD* en posición 5' y 3' con respecto a la posición 15109 en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI.

Materiales adecuados para su inclusión en un kit ejemplar de acuerdo con la presente divulgación, comprenden uno o más de los siguientes: pares de cebadores específicos para PCR (oligonucleótidos) que hibridan con dominios de la secuencia de ADN o cDNA que flanquean los polimorfismos genéticos de interés (SNP); reactivos capaces de amplificar un dominio de una secuencia específica, ya sea en el ADN genómico o cDNA sin el requisito de la realización de PCR; reactivos necesarios para discriminar entre los distintos alelos en la secuencia de los dominios amplificados por PCR y PCR-no amplificación (por ejemplo, las endonucleasas de restricción, oligonucleótidos que hibridan preferentemente con un alelo del polimorfismo, incluidos los modificados para contener enzimas o grupos químicos fluorescentes que amplifican la señal de los oligonucleótidos y que discriminan los alelos más robustos); reactivos necesarios para separar físicamente los productos derivados de los diferentes alelos (por ejemplo, agarosa o poliácridamida y un tampón para ser utilizado en la electroforesis, columnas de HPLC, geles SSCP, geles formamida o un soporte de la matriz de MALDI-TOF).

El documento describe el uso del kit para determinar si un sujeto presenta al menos un SNP del gen *SCD* asociado con un grado de insaturación de ácidos grasos elevado. En una divulgación particular, el grado de insaturación se refiere a la relación de los ácidos grasos C18:1/ C18:0.

El documento describe el uso del kit en un sujeto, preferentemente en un cerdo. En una divulgación más particular, el kit se refiere a un cerdo de raza *Duroc*.

Métodos de genotipado

En un aspecto, la invención se refiere a un método de genotipado, en adelante, “primer método de la invención”, para detectar el nucleótido que ocupa la posición 2281 en el gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI.

Métodos conocidos en el estado de la técnica para genotipar un polimorfismo y que se pueden ser usados en el contexto de la presente invención incluyen, sin limitación, cualquiera de los métodos descritos por Rapley y Harbron, (Molecular Analysis and Genome Discovery. Chichester. John Wiley and Sons Ltd. 2004) tales como:

- Métodos basados en hibridación: Hibridación dinámica específica de alelo (DASH), micromatrices de ADN, balizas moleculares (molecular beacons),
- Métodos basados en enzimas tales como ADN ligasa, ADN polimerasa y nucleasa. Ejemplos de dichos métodos incluyen PCR específica de alelo, ensayo del invasor (endonucleasa Flap), extensión de base sencilla (SBE), TaqMan (5'-3'-endonucleasa), polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (RFLP), secuenciación directa y ensayo de ligación.
- Métodos post-amplificación basados en propiedades físicas del ADN tales como la temperatura de fusión de híbridos de ADN y conformación de cadena sencilla. Este tipo de métodos incluyen polimorfismo de conformación de cadena sencilla (SSCP), electroforesis en gel en gradiente de temperatura (TGGE), cromatografía de alta resolución en condiciones desnaturalizantes (DHPLC).

Como es obvio, el método de genotipado de acuerdo a la presente invención se puede llevar a cabo a partir de cualquier hebra de ácido nucleico o a partir de ambas hebras. En una realización particular, la detección de SNP se realiza mediante la técnica de discriminación alélica. Esta metodología permite detectar variaciones en la secuencia de ADN, por ejemplo SNP, mediante la lectura de la fluorescencia emitida por cada una de las sondas empleadas complementarias para cada uno de los SNP puesto que están marcadas con fluorocromos diferentes. En una realización más particular el genotipado se realiza mediante el método de discriminación alélica mencionado anteriormente acoplado a un aparato de PCR en tiempo real.

En una realización preferida, el método de genotipado de la presente invención comprende adicionalmente la detección de otros polimorfismos en el gen *SCD* que se asocian con el contenido en ácidos grasos insaturados en la grasa intramuscular de cerdos. Así, en una realización preferida, el método de genotipado de acuerdo a la presente invención comprende adicionalmente detectar el nucleótido que ocupa la posición 2228 de dicho gen y/o el nucleótido que ocupa la posición 15109 en el gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI.

En una realización preferida, el genotipado se lleva a cabo mediante hibridación con sondas específicas de alelo capaces de detectar el nucleótido en posición 2281 del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI en el gen *SCD* de *Sus scrofa domestica* el gen o en una variante polimórfica en posición 2281 de dicha secuencia. En una realización más preferida, la sonda específica de alelo comprende la secuencia SEQ ID NO:16 y permite detectar variantes del gen *SCD* en donde el nucleótido que ocupa la posición 2281 del gen *SCD* es una G. En otra realización preferida, la sonda específica de alelo comprende la secuencia SEQ ID NO:17 y permite detectar variantes del gen *SCD* en donde el nucleótido que ocupa la posición 2281 del gen *SCD* es una A. Preferiblemente, las sondas se encuentran marcadas en uno de sus extremos con un compuesto fluorescente. En una realización aún más preferida, el compuesto fluorescente es VIC o 5-carboxifluoresceína (5-FAM).

En otra realización preferida, el método de genotipado de acuerdo a la presente invención comprende la amplificación de la región o las regiones del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* que contiene la posición polimórfica o las posiciones polimórficas a caracterizar. En el caso del polimorfismo en posición 2281, en una realización preferida, la amplificación de la región se lleva a cabo usando un par de cebadores en donde el primer cebador comprende la secuencia definida en SEQ ID NO:14 y/o en donde el segundo cebador comprende la secuencia definida en SEQ ID NO:15.

Métodos para predecir el grado de insaturación de ácidos grasos

En otro aspecto, la invención se relaciona con un método, de aquí en adelante, “segundo método de la invención”, para predecir el grado de insaturación de ácidos grasos en un sujeto o de un derivado cárnico de dicho sujeto, que comprende detectar en una muestra de dicho sujeto el nucleótido de al menos una posición polimórfica en el gen *SCD* de *Sus scrofa domestica* en donde dicha posición polimórfica es la posición 2281, en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI y en donde la presencia del nucleótido A en la posición 2281 en al menos un alelo del gen *SCD* es indicativa de un grado de insaturación de ácidos grasos elevado con respecto al valor de referencia.

En una realización particular, el método comprende adicionalmente detectar en dicha muestra el nucleótido que ocupa la posición 2228 de dicho gen y/o el nucleótido que ocupa la posición 15109 en el gen *SCD* de *S. scrofa*

domestica en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI.

El método de la invención comprende determinar la presencia o ausencia de los alelos asociados con una determinada condición, en este caso particular, un grado de insaturación de ácidos grasos elevado. Los alelos asociados con un grado elevado de insaturación se denominan alelos beneficiosos y se muestran en la Tabla 1.

NOMBRE DEL POLIMORFISMO	POSICIÓN EN EL GEN SCD DE <i>S. scrofa</i>	CAMBIO DEL NUCLEÓTIDO	ALELO BENEFICIOSO
SNP2	-233/2228	T>C	T
SNP3	-180/2281	A>G	A
SNP5	+1566/15109	A>G	A

Tabla 1: Relación de alelos beneficiosos identificados. La columna "Posición en el gen SCD de *Sus scrofa*" comprende la posición con respecto al codón de inicio de la transcripción seguido de la posición absoluta en la secuencia AY487830 en la base de datos NCBI.

El término "predecir", como se usa en la presente invención, se refiere a la determinación de la probabilidad de que la grasa del sujeto tenga un grado de insaturación determinado. Como entenderán los expertos en la materia, tal determinación normalmente no se pretende que sea correcta para todos (es decir, el 100 %) de los sujetos que se van a identificar. Sin embargo, el término requiere que una parte estadísticamente significativa de los sujetos se pueda identificar (por ejemplo, una cohorte en un estudio de cohortes). El experto en la materia puede determinar fácilmente si una parte es estadísticamente significativa usando varias herramientas de evaluación estadística bien conocidas, por ejemplo, determinación de intervalos de confianza, determinación de los valores de p, prueba de la t de Student, prueba de Mann-Whitney, etc. Los detalles se encuentran en Dowdy y Wearden, *Statistics for Research*, John Wiley and Sons, Nueva York 1983. Los intervalos de confianza preferidos son al menos del 90 por ciento, al menos del 95 por ciento, al menos del 97 por ciento, al menos del 98 por ciento o al menos del 99 por ciento. Los valores de p son, preferiblemente, 0,1, 0,05, 0,01, 0,005 o 0,0001. Más preferiblemente, al menos el 60 por ciento, al menos el 70 por ciento, al menos el 80 por ciento o al menos el 90 por ciento de los sujetos de una población se pueden identificar apropiadamente por el método de la presente invención.

El término "asociado con", tal y como se utiliza en la presente invención, significa que, un sitio polimórfico particular está estructuralmente y/o funcionalmente asociado con un SNP específico, por ejemplo, dicho sitio polimórfico está en el locus correspondiente, o en su proximidad inmediata, y/o dicho sitio polimórfico interactúa con o afecta al gen correspondiente o a la expresión del producto del mismo.

La expresión "grado de insaturación de ácidos grasos", tal y como se utiliza en la presente invención, hace referencia a la proporción de uno o varios MUFAs presente en una muestra de un sujeto con respecto a la proporción del total de ácidos grasos presentes en dicha muestra de dicho sujeto. En una realización aún más preferida, el grado de insaturación corresponde al porcentaje de ácido oleico con respecto al total de ácidos grasos en la muestra. En otra realización, el grado de insaturación corresponde al porcentaje de ácido oleico con respecto al ácido esteárico (C18:0) en la muestra.

La expresión "ácidos grasos", tal y como se utiliza en la presente invención, se refiere a biomoléculas de naturaleza lipídica formadas por una larga cadena hidrocarbonada lineal, de diferente longitud o número de átomos de carbono que presentan un grupo alquilo en un extremo y un grupo ácido en el otro extremo. Los ácidos grasos se pueden clasificar en ácidos grasos saturados y ácidos grasos insaturados. Los ácidos grasos saturados no poseen dobles enlaces en la cadena hidrocarbonada que los conforma y son flexibles y sólidos a temperatura ambiente, mientras que los ácidos grasos insaturados poseen dobles o triples enlaces, son rígidos a nivel de estos enlaces y son líquidos o viscosos a temperatura ambiente. En este último grupo, además podemos diferenciar entre ácidos grasos monoinsaturados o MUFA (del inglés "*monounsaturated fatty acid*") y ácidos grasos polinsaturados o PUFA (del inglés "*polyunsaturated fatty acid*"). En la nomenclatura empleada para nombrar los ácidos grasos de la invención se hace referencia, en primer lugar, al número total de carbonos de la molécula hidrocarbonada, seguido de dos puntos y un número que hace referencia al número de dobles enlaces que se encuentra en dicha cadena y, finalmente, el término "n-número" hace referencia a la posición que ocupe el primer doble enlace con respecto al carbono del grupo metilo (CH₃).

El término "MUFA", tal y como se utiliza en la presente invención, se refiere a ácidos grasos de cadena carbonada par que contienen un único doble enlace en su estructura, es decir, un solo doble enlace carbono-carbono (-CH=CH-). Ejemplos de MUFA son el ácido palmitoleico (16:1 n-7), el ácido cis-vacénico (18:1 n-7), el ácido eicosanoico (20:1 n-9), el ácido erucico (22:1 n-9), el ácido nervónico (24:1 n-9) y el ácido oleico (18:1 n-9).

El término "PUFA", tal y como se utiliza en la presente invención, se refiere a ácidos grasos cuya cadena carbonada presenta más de un doble enlace. Ejemplos de PUFA son el ácido hexadecanotrienoico (16:3 n-3), el ácido alfa-linolénico (18:3 n-3), el ácido estearidónico (18:4 n-3), el ácido eicosatrienoico (20:3 n-3), el ácido

eicosatetranoico (20:4 n-3), el ácido ecosapentanoico (20:5 n-3), el ácido docosapentanoico (22:5 n-3), el ácido tetracosapentanoico (24:5 n-3), el ácido tetracosahexanoico (24:6 n-3), el ácido linoleico (18:2 n-6), el ácido gamma-linolénico (18:3 n-6), el ácido eicosadienoico (20:2 n-6), el ácido araquidónico (22:4 n-6), el ácido docosadienoico (22:2 n-6), el ácido adrenico (22:4 n-6), el ácido docosapentanoico (22:5 n-6), el ácido tetracosatreanoico (24:4 n-6) y el ácido tetracosapentanoico (24:5 n-6).

El término "muestra", como se usa en la presente invención, se refiere a cualquier muestra que se puede obtener de un sujeto en la que exista material genético que permita determinar el nucleótido en las posiciones polimórficas indicadas anteriormente. Muestra biológicas adecuadas para su uso en la presente invención incluyen, por ejemplo, una muestra de biopsia, una muestra de un derivado cárnico, un fluido biológico (por ejemplo, sangre, plasma, esperma, suero, orina, etc), una célula, un tejido (por ejemplo tejido adiposo, tejido muscular, tejido epitelial etc), etc., Las muestras pueden ser obtenidas por métodos convencionales, por ejemplo, un raspado, una biopsia, etc., usando métodos bien conocidos por los expertos en la materia. En una realización particular, la muestra es una muestra de ácido nucleico, por ejemplo: una muestra que comprende un ácido nucleico, por ejemplo, el ADN, el ADN genómico (ADNg), ADN complementario (ADNc), el ARN, el ARN nuclear heterogéneo (ARNnh), ARNm, etc., del sujeto. En una realización, la muestra está aislada o extraída de una célula o tejido en particular. Las células pueden estar presentes en un fluido biológico, por ejemplo, sangre, saliva, esperma, etc, en un tejido, por ejemplo músculo o tejido adiposo, etc. En una realización particular, la muestra es un fluido biológico, como saliva, sangre, esperma o similares. En una realización preferida, la muestra en la que se lleva a cabo la determinación de la presencia de los distintos polimorfismos es una muestra de músculo. En una realización preferida, el músculo se selecciona de músculo de glúteo medio del jamón, músculo longísimo dorsal y músculo semimembranoso. Los métodos para el aislamiento de muestras de células y tejidos son bien conocidos por los expertos en la técnica e incluyen, pero no se limitan, a aspiraciones, secciones de tejido, biopsias con aguja, etc.

El término "sujeto", tal y como se utiliza en la presente invención, hace referencia a cualquier animal clasificado como mamífero. Preferentemente, el sujeto es un cerdo. El término "cerdo", tal y como se utiliza en la presente invención, hace referencia a cualquier especie doméstica o silvestre perteneciente al género *Sus*, incluyendo *Sus barbatus*, *Sus bucculentus*, *Sus cebifrons*, *Sus celebensis*, *Sus domestica*, *Sus falconeri*, *Sus heurni*, *Sus hysudricus*, *Sus philippensis*, *Sus salvanius*, *Sus scrofa*, *Sus strozzi*, *Sus timoriensis*, *Sus verrucosus*. En una realización preferida, la determinación se lleva a cabo en el cerdo común o *S. scrofa domestica*. Sinónimos que pueden ser empleados para nombrar a un cerdo son, por ejemplo, puerco, cochino, cochi, cuche, chanco, marrano, con, chiro, guarrapo, cuto, tocino, rancho, gocho, gorrino, cochinillo, verraco, cocha, gocha, etc. El término cerdo, tal y como se utiliza aquí, engloba a cualquier raza, variedad o estirpe del cerdo. Ejemplos de subespecies de cerdos domésticos que pueden ser analizadas mediante el método de la presente invención son: jabalí albar (*Sus scrofa castilianus*), jabalí bético (*Sus scrofa baeticus*), *Sus scrofa scrofa*, *Sus scrofa meridionalis*, *Sus scrofa majori*, *Sus scrofa attila*, *Sus scrofa ussuricus*, *Sus scrofa cristatus*, *Sus scrofa vittatus*, *Sus scrofa taivanus*. Según la presente invención el término "raza" hace referencia a un conjunto de individuos de la misma especie que ostentan unas mismas características, aptitudes o cualidades diferenciadas, y las transmiten de generación en generación. Ejemplos de razas de cerdos domésticos que pueden ser analizadas mediante el método de la presente invención son: *Hampshire*, *Pietrain*, *Landrace Belga*, *Meishan*, *Berkshire*, *Large White*, *Landrace* o *Duroc*. Dentro de una raza se puede definir una variedad que hace referencia a una agrupación de individuos de la misma raza que presentan una característica o una aptitud diferenciadas heredables, que normalmente suele ser la coloración. Una variedad puede contener distintas estirpes que se refieren a un conjunto de individuos de la misma raza y variedad, que se reproducen sin la intervención de aportaciones extrañas y con un número de ejemplares suficiente como para que la consanguinidad no sea elevada. En una realización preferida el sujeto es un cerdo de raza *Duroc*.

En una realización particular, el método de la invención permite determinar el grado de insaturación en el músculo del glúteo medio del jamón, músculo longísimo dorsal y/o músculo semimembranoso.

En el caso particular de que se desee determinar el grado de insaturación en la grasa presente en un derivado cárnico de un sujeto, la muestra usada para la determinación de los polimorfismos es una muestra de dicho derivado cárnico.

La expresión "derivado cárnico", según se usa en la presente invención, se refiere a un producto alimenticio preparado total o parcialmente con carnes o despojos de las especies autorizadas para tal fin, y sometidos a operaciones específicas para su conservación antes de su puesta al consumo. Dentro del ámbito que abarca la presente invención, entre los derivados cárnicos, se incluyen los productos cárnicos crudos y curados, siendo los curados aquellos sometidos a un proceso de maduración o desecación, bien picados y embutidos (varios tipos de salchicha, por ejemplo chorizo, salchichón, chorizo blanco, chorizo Pamplona, salami, morcón, fuet, etc.) o enteros (jamón curado, paleta curada, panceta, beicon, cecina, lomo embuchado etc.). Los productos cárnicos tratados por calor son los obtenidos por tratamiento térmico, bien picados y embutidos (salchichas tipo Frankfurt, mortadela, chopped, sevillana, etc.) o enteros (jamón cocido, paleta cocida, magro de cerdo cocido, fiambres, etc.). Los productos cárnicos frescos son los preparados sin ser sometidos ni a tratamiento de desecación ni a tratamiento térmico. Pueden ser picados y embutidos (salchicha fresca, chorizo fresco, etc.), únicamente picados (carne picada, hamburguesas, tartas rellenas de carne, etc.) o enteros (lomo adobado). Este tipo de productos tienen un

comportamiento similar al de la carne fresca en cuanto a la conservación. En una realización más particular, la muestra se obtiene de jamón y/o lomo.

La detección del polimorfismo o polimorfismos según el segundo método de la invención se puede llevar a cabo usando cualquiera de los métodos de genotipado descritos en el contexto del primer método de la invención. En una realización preferida, el genotipado se lleva a cabo mediante hibridación con sondas específicas de alelo capaces de detectar el nucleótido en posición 2281 del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI en el gen *SCD* de *Sus scrofa domestica* o en una variante polimórfica en posición 2281 de dicha secuencia. En una realización más preferida, la sonda específica de alelo comprende la secuencia SEQ ID NO:16 y permite detectar variantes del gen *SCD* en donde el nucleótido que ocupa la posición 2281 del gen *SCD* es una G. En otra realización preferida, la sonda específica de alelo comprende la secuencia SEQ ID NO:17 y permite detectar variantes del gen *SCD* en donde el nucleótido que ocupa la posición 2281 del gen *SCD* es una A. Preferiblemente, las sondas se encuentran marcadas en uno de sus extremos con un compuesto fluorescente. En una realización aún más preferida, el compuesto fluorescente es VIC o 5-carboxifluoresceína (5-FAM).

En otra realización preferida, el método de genotipado de acuerdo a la presente invención comprende la amplificación de la región o las regiones del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* que contiene la posición polimórfica o las posiciones polimórficas a caracterizar. En el caso del polimorfismo en posición 2281, en una realización preferida, la amplificación de la región se lleva a cabo usando un par de cebadores en donde el primer cebador comprende la secuencia definida en SEQ ID NO:14 y/o en donde el segundo cebador comprende la secuencia definida en SEQ ID NO:15.

De acuerdo con el segundo método de la invención, la presencia del nucleótido A en la posición 2281, del nucleótido T en la posición 2228 y/o el nucleótido A en la posición 15109 en al menos un alelo del gen *SCD* se asocia con un grado de insaturación elevado en la grasa intramuscular de un animal. El grado de insaturación se relaciona con el número de alelos favorables. Así, en el caso del polimorfismo en posición 2281, animales homocigóticos para el alelo A muestran un mayor grado de insaturación en la grasa que animales heterocigóticos AG, y estos mayor que los animales homocigóticos GG.

La expresión "grado de insaturación elevado", tal y como se utiliza en la presente invención, hace referencia a que los valores del grado de insaturación son elevados con respecto a valores de referencia para dicho grado de insaturación. De acuerdo con la presente invención, se considera que el grado de insaturación es elevado con respecto a un valor de referencia cuando los niveles en la muestra del sujeto están aumentados al menos un 0,8%, al menos un 0,85%, al menos un 0,9%, al menos un 0,95%, al menos un 1%, al menos un 1,5%, al menos un 2%, al menos un 3%, al menos un 4%, al menos un 5%, al menos un 6%, al menos un 7%, al menos un 8%, al menos un 9%, al menos un 10%, al menos un 20%, al menos un 30%, al menos un 40%, al menos un 50%, al menos un 60%, al menos un 70%, al menos un 80%, al menos un 90%, al menos un 100% o más con respecto a un valor de referencia para dicho parámetro.

Valores de referencia para el grado de insaturación que se pueden usar en el contexto de la presente invención incluyen, por ejemplo, el grado de insaturación en animales que presentan uno o más marcadores asociados con un bajo grado de insaturación. Así, en una realización preferida, se toma como valor de referencia el grado de insaturación de la grasa intramuscular o de la grasa subcutánea obtenida de un cerdo homocigótico para el nucleótido G en posición 2281 del gen *SCD*, el grado de insaturación de la grasa intramuscular obtenida de un cerdo homocigótico para el nucleótido C en la posición 2228 y/o el grado de insaturación de la grasa intramuscular obtenida de un cerdo homocigótico para el nucleótido G en la posición 15109. Alternativamente, se puede tomar como valor de referencia el grado de insaturación de la grasa intramuscular o subcutánea obtenida de un cerdo homocigótico para varias de las posiciones polimórficas que se correlacionan con un bajo índice de insaturación.

Además, los inventores también han observado que cuando el sujeto presenta en el SNP de acuerdo con la presente invención, el nucleótido indicativo de un grado de insaturación de ácidos grasos elevado (alelo beneficioso) en los dos alelos (es decir, el sujeto es homocigótico para el SNP asociado con un grado de insaturación de ácidos grasos elevado), se ve incrementado el grado de insaturación de ácidos grasos con respecto a un sujeto que presente dicho alelo beneficioso en solamente uno de los alelos del gen. Por lo tanto, en otra realización particular, el método de la invención implica detectar en el SNP, el nucleótido en al menos una posición polimórfica en el gen *SCD* de *Sus scrofa domestica*, en donde dicha posición polimórfica es la posición 2281 en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI, y en donde la presencia en los dos alelos del gen *SDC* del nucleótido A en la posición 2281 es indicativa de un grado de insaturación de ácidos grasos elevado con respecto al valor de referencia. En aún otra realización particular, el método comprende adicionalmente detectar en dicha muestra el nucleótido que ocupa la posición 2228 de dicho gen y/o el nucleótido que ocupa la posición 15109 en gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI, donde la presencia del nucleótido T en la posición 2228 y/o del nucleótido A en la posición 15109 en los dos alelos del gen *SCD* es indicativa de un grado de insaturación de ácidos grasos elevado con respecto al valor de referencia.

Métodos de selección de cerdos con elevado contenido en ácidos grasos monoinsaturados en la grasa muscular y subcutánea.

La identificación de polimorfismos que se asocian de forma significativa con un elevado grado de insaturación en la grasa intramuscular y subcutánea permite el desarrollo de métodos para seleccionar cerdos que presentan dicha característica mediante cruce de cerdos con dichos polimorfismos y selección de aquellos cerdos de la progenie que hayan heredado el polimorfismo beneficioso. Así, en otro aspecto, la divulgación se refiere a un método para seleccionar cerdos con un elevado grado de insaturación de ácidos grasos en la grasa intramuscular y/o subcutánea que comprende:

- (i) cruzar un cerdo que presenta una A en posición 2281 del gen *SCD*, una C en la posición 2228 y/o una A en la posición 15109 en al menos un alelo del gen *SCD* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI con un cerdo del sexo opuesto; y
- (ii) seleccionar aquellos individuos de la progenie que presenten al menos uno de los polimorfismos indicados en la etapa (i).
- (iii)

En una primera etapa, el método de selección y crianza de cerdos con elevado contenido en ácidos grasos monoinsaturados comprende cruzar un cerdo que presenta una A en posición 2281 del gen *SCD*, una C en la posición 2228 y/o una A en la posición 15109 en al menos un alelo del gen *SCD* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI con un cerdo del sexo opuesto.

El término "cruce" se refiere aquí tanto a procedimientos basados en el apareamiento espontáneo como a procedimientos de inseminación artificial usando métodos conocidos en la técnica.

En una divulgación preferida, el cerdo del sexo opuesto usado en la etapa (i) presenta una A en posición 2281 del gen *SCD*, una T en la posición 2228 y/o una A en la posición 15109 en al menos un alelo del gen *SCD* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI. El experto en la materia entenderá que cuando los dos progenitores presentan polimorfismos favorables para un alto grado de insaturación de la grasa muscular o subcutánea, la etapa (i) puede llevarse a cabo cruzando cerdos que presenten el mismo polimorfismo, de forma que se pueda obtener progenie homocigótica para dicho polimorfismo favorable. Alternativamente, la etapa (i) puede llevarse a cabo cruzando cerdos que presenten distintos polimorfismos favorables para un alto grado de insaturación de la grasa muscular o subcutánea, de forma que la progenie incorpore los distintos polimorfismos. Alternativamente, la etapa (i) puede llevarse a cabo cruzando cerdos que presenten los mismos polimorfismos, de forma que se pueda obtener progenie homocigótica para todos los polimorfismos en un solo ciclo de cruce y selección.

En una segunda etapa, el método de selección y crianza de cerdos con elevado contenido en ácidos grasos monoinsaturados de acuerdo a la divulgación comprende seleccionar aquellos individuos de la progenie que presenten al menos uno de los polimorfismos indicados en la etapa (i). La selección se lleva a cabo preferiblemente mediante el genotipado de los miembros de la progenie, usando preferiblemente alguno de los métodos descritos anteriormente en el contexto de métodos de genotipado. La selección puede ser también de naturaleza "virtual", tal que el genotipo de un animal se graba en una base de datos portátil o un ordenador. Aquí, los animales podrían ser seleccionados en base a su genotipo conocido sin la necesidad de separación física. Esto permitiría seleccionar a los animales de fenotipo deseado, donde la separación física no es necesaria.

En una divulgación preferida, el genotipado se lleva a cabo mediante hibridación con sondas específicas de alelo capaces de detectar el nucleótido en posición 2281 del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI en el gen *SCD* de *Sus scrofa domestica* o en una variante polimórfica en posición 2281 de dicha secuencia. En una divulgación más preferida, la sonda específica de alelo comprende la secuencia SEQ ID NO:16 y permite detectar variantes del gen *SCD* en donde el nucleótido que ocupa la posición 2281 del gen *SCD* es una G. En otra divulgación preferida, la sonda específica de alelo comprende la secuencia SEQ ID NO:17 y permite detectar variantes del gen *SCD* en donde el nucleótido que ocupa la posición 2281 del gen *SCD* es una A. Preferiblemente, las sondas se encuentran marcadas en uno de sus extremos con un compuesto fluorescente. En una divulgación aún más preferida, el compuesto fluorescente es VIC o 5-carboxifluoresceína (5-FAM).

La selección de la etapa (ii) permite identificar cerdos que comprenden una A en posición 2281 del gen *SCD*, una T en la posición 2228 y/o una A en la posición 15109 en al menos un alelo del gen *SCD* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830. En una divulgación preferida, cuando ambos progenitores presentan los alelos favorables asociados a un alto grado de insaturación de la grasa muscular o subcutánea, la segregación de los alelos de acuerdo a las leyes de la Genética mendeliana permite que algunos miembros de la progenie presenten el polimorfismo favorable en ambos alelos. Así, en otra divulgación preferida, la etapa (ii) comprende la selección de aquellos cerdos que comprenden una A en posición 2281 del gen *SCD*, una T en la posición 2228 y/o una A en la posición 15109 en ambos alelos del gen *SCD* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830.

En una divulgación preferida, el método de selección de cerdos comprende retrocruzar un cerdo seleccionado en la etapa (ii) con un cerdo del sexo opuesto. Preferiblemente, el cerdo con el que se retrocruzan los individuos seleccionados en la etapa (ii) son cerdos que comprenden uno o más de los distintos polimorfismos marcadores de alto grado de insaturación de la grasa muscular o subcutánea y, en particular, una A en posición 2281 del gen *SCD*, una T en la posición 2228 y/o una A en la posición 15109 en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en al menos uno de los alelos del gen *SCD*. En una divulgación preferida, los cerdos que se usan para retrocruzar con los cerdos seleccionados en la etapa (i) pertenecen a la misma camada.

La invención se describe por medio de los siguientes ejemplos que deben ser considerados como meramente ilustrativos y no limitantes del alcance de la invención. Los siguientes métodos son comunes a todos los ejemplos

Ejemplos

MÉTODOS

1. Estudio poblacional

Para el estudio de la variabilidad genética del gen *SCD* porcino, se secuenció unas 780 pares de bases de la región promotora y la totalidad de la región 3' no codificante (3'UTR) en 12 cerdos de la raza *Duroc* del banco de muestras de la Universidad de Lleida. De todos los cerdos *Duroc* analizados (335 sujetos) se disponía de muestra de ADN y del registro del contenido en 11 ácidos grasos en al menos un músculo. Los 12 cerdos que se eligieron como muestra poblacional de este estudio fueron escogidos de manera que 6 de ellos tenían los valores de ácido oleico, en músculo semimembranosos y glúteo medio, más elevados de entre todos los registrados (73.7 y 101.7 mg/g de materia seca) y, los 6 restantes contenían los valores más bajos de los registrados para dicho ácido (49.3 y 12.2 mg/g de materia seca).

Para secuenciar el gen *SDC* se amplificaron mediante PCR seis fragmentos de ADN de entre 780 y 1000 pares de bases a partir de los cebadores detallados en la Tabla 2.

SONDA	SECUENCIA 5'-3'	SEQ ID NO:	TAMAÑO DEL AMPLICÓN (pares de bases, pb)
Promoter-F	ACTTCCCTAGTGCCCATCCT	2	890
Promoter-R	GATCACTTTCCCAGGGATGA	3	
3UTR_F1	AAGTATCCAAGGGCTGCCATC	4	866
3UTR_R1	CAATCCGGAAAGAACCTCA	5	
3UTR_F2	TGGGGAAGAAGTCTTTCTTGT	6	990
3UTR_R2	GGTTCAGTGACCCTGAGCAT	7	
3UTR_F3	TTTCCTGCCGTTCTATCTC	8	945
3UTR_R3	GAGTAGGTGCTTGGGTCTGG	9	
3UTR_F4	ATGGAGGATAAAGGGTGTGG	10	648
3UTR_R4	ACTTGCCAGGGTCACATAG	11	
3UTR_F5	GTCAAGGTTACACGGGTGGT	12	742
3UTR_R5	CAGGACATAGGGTGGCAGAT	13	

Tabla 2: Sondas (cebadores) utilizadas para la amplificación mediante PCR de seis fragmentos del gen *SCD* porcino.

2. Genotipado de la mutación SNP3 en el promotor del gen *SCD* porcino

Se procedió a detectar el polimorfismo de la invención SNP3 en 635 cerdos castrados de raza *Duroc* del banco de muestras de la Universidad de Lleida de los que se disponía de datos de contenido y composición de la GIM. Los cerdos genotipados se criaron en 7 lotes distintos. El genotipado se realizó mediante un protocolo de discriminación alélica en un aparato de PCR a tiempo real. Los cebadores y las sondas empleadas se indican en la Tabla 3 junto con las concentraciones finales utilizadas.

SONDA	SECUENCIA 5'-3'	SEQ ID NO:	CONCENTRACIÓN FINAL
Cebador directo	TGCCAGCTCTAGCCTTTAAATACC	14	900 nM
Cebador reverso	CACGTTGGGTCGGTGTGTCT	15	900 nM
Sonda para el alelo G	VIC-ACCCGCGCACAGCA-NFQ	16	200 nM
Sonda para el alelo A	FAM-AGACCCACGCACAGCA-NFQ	17	200 nM

Tabla 3: Sondas utilizadas en el genotipado de SNP3 del promotor del gen *SCD* porcino.

La reacción de PCR incluía los cuatro cebadores, a las concentraciones indicadas en la Tabla 3, 1x Maxima SYBR Green/ROX qPCR Master Mix (Fermentas) y 10 ng de ADN genómico. El genotipo se asignaba según la acumulación de fluorescencia verde (correspondiente al fluorocromo VIC de la sonda que hibrida con el alelo G) y/o azul (FAM, alelo A) durante los ciclos de PCR. Todo cerdo genotipado fue clasificado como de genotipo GG, AG o AA.

3. Determinación del contenido y la composición de la grasa

Todas las muestras de músculo o grasa fueron identificadas, liofilizadas y pulverizadas. A partir de una alícuota de cada una de ellas, se determinó en duplicado el contenido en los ácidos grasos C14:0, C16:0, C16:1n-7, C18:0, C18:1 n-9, C18:2 n-6, C18:3 n-3, C20:0, C20:2n-6, C20:4n-6 y C20:1n-9 mediante cromatografía de gases cuantitativa según se ha descrito en Bosch et al. (Meat Science, 2009, 82: 432-437). Los ésteres metílicos de los ácidos grasos se obtuvieron por transesterificación directa a partir de una solución al 20% de trifloruro de boro en metanol y se determinaron por cromatografía de gases mediante una columna capilar SP2330 (30mx 0.25 mm, Supelco, Bellefonte, PA) y un detector de ionización en llama con helio como gas portador a 1 mL/min. El contenido de cada ácido graso se cuantificó normalizando el área después de añadir a cada muestra 1,2,3-tripentadecanoilglicerol como patrón interno. El porcentaje de GIM en un músculo se calculó a partir del cociente entre la suma del contenido de todos los ácidos grasos determinados, expresados estos en su equivalente triglicérido, respecto al contenido de materia seca de la muestra. El porcentaje de cada ácido graso respecto del total de ácidos grasos se calculó como el cociente entre el contenido de ese ácido graso en particular relativo al total de ácidos grasos. El porcentaje de MUFA se calculó como el cociente entre la suma de los MUFA (C16:1 n-7, C18:1 n-9 y C20:1 n-9) respecto al contenido total de ácidos grasos. El porcentaje de ácidos grasos saturados se calculó como el cociente entre la suma de los ácidos grasos saturados (C14:0, C16:0, C18:0 y C20:0) respecto al contenido total de ácidos grasos.

Se calculó de forma específica el grado de insaturación ID como el cociente entre el contenido de C18:1 respecto al de C18:0.

EJEMPLO 1: Asociación entre el genotipo del SNP3 del gen *SCD* y el ID de la carne y la grasa subcutánea del cerdo

Se contrastaron en 7 lotes diferentes, las medias de los tres genotipos posibles del SNP3 (GG, GA, AA) para el contenido de GIM e ID en el músculo del glúteo medio del jamón mediante un modelo lineal que incluyó el genotipo como único factor. En la Tabla 4 se representan las medias de GIM e ID por genotipo, así como el valor p asociado al correspondiente análisis de varianza.

				GIM				ID (C18:1/C18:0)			
				Genotipo				Genotipo			
Lote	Año	N	f(A)	AA	AG	GG	p	AA	AG	GG	p
1	2006	109	0,44	14,50	14,64	14,97	0,91	5,93	5,90	5,37	<0,01
2	2007	100	0,46	15,89	15,76	16,70	0,74	4,92	4,54	4,29	<0,01
3	2008	66	0,44	16,52	15,15	16,31	0,40	5,96	5,12	4,54	<0,01
4	2008	72	0,38	13,58	11,61	12,26	0,21	4,35	3,77	3,50	<0,01
5	2010	85	0,39	14,76	15,27	13,84	0,54	4,35	4,34	3,92	<0,05
6	2010	96	0,49	13,63	14,41	15,51	0,41	4,34	4,04	3,71	<0,01
7	2011	86	0,48	18,78	17,66	16,91	0,41	3,98	3,82	3,73	<0,05
Total		614	0,44	15,27	14,92	15,18	0,72	4,80	4,51	4,15	<0,01

Tabla 4: Efecto del genotipo de SNP3 sobre el contenido de GIM e ID en el músculo del glúteo medio.

Se observa de forma consistente en todos los lotes que el alelo A no afecta el contenido de GIM pero mejora el ID. El efecto del alelo A en el conjunto de todos los lotes (Total) se estimó mediante un modelo lineal que incluyó el lote además del genotipo.

Análisis similares realizados sobre la asociación entre el genotipo de SNP3 y GIM e ID en los músculos longísimo dorsal y semimembranoso confirmaron el mismo efecto, es decir, el alelo A de dicho SNP no aumenta el contenido en GIM pero mejora el ID.

Análisis similares realizados sobre la asociación entre el genotipo de SNP3 y el espesor de la grasa dorsal confirmaron el mismo efecto, es decir, el alelo A de dicho SNP no aumenta el espesor de la grasa dorsal pero mejora el ID.

EJEMPLO 2: El SNP3 tiene un modo de acción génica aditivo

Se comprobó dentro de cada lote el modo de acción génica de SNP3 sobre ID mediante un modelo con una covariable aditiva (a) y una dominante (d), en el que la variable a toma los valores 1, 0, y -1 y la variable d los valores 0, 1 y 0, según sea el genotipo AA, AG y GG, respectivamente. En la Tabla 5 se presentan los valores de a y d para ID, así como el valor p asociado a cada una de ellas.

ID				
Lote	a	p-valor	d	p-valor
1	0,28	<0,01	0,25	0,06
2	0,31	<0,01	-0,07	0,52
3	0,71	<0,01	-0,13	0,56
4	0,43	<0,01	-0,15	0,07
5	0,22	<0,05	0,21	0,16
6	0,32	<0,01	0,02	0,81
7	0,13	<0,01	-0,04	0,56
Total	0,32	<0,01	0,03	0,50

Tabla 5: Efecto aditivo (a) y dominante (d) del genotipo SNP3 del gen *SCD* porcino sobre el ID en el músculo del glúteo medio.

Se observa de forma consistente en todos los lotes que el modo de acción de SNP es estrictamente aditivo de forma que ID aumenta entre 0,13 y 0,71, según el lote, por cada alelo A presente en el genotipo. El efecto medio del alelo A en el conjunto de todos los lotes (total) se estimó mediante el mismo modelo pero añadiendo el efecto lote. En media cada alelo A aumenta 0,32 puntos ID.

EJEMPLO 3: Asociación entre el genotipo del SNP3 del gen *SCD* porcino y el porcentaje de MUFA y C18:1 en la grasa del cerdo y con otras características comerciales

Se contrastó el efecto del genotipo SNP3 sobre el porcentaje de MUFA y C18:1 en músculo y grasa subcutánea por ser los dos caracteres relacionados con ID que más afectan comercialmente a la calidad de la carne y la grasa del cerdo. El contraste se realizó mediante un modelo lineal que incluyó el genotipo y el lote con la covariable GIM. En la Tabla 6 se presentan las medias de los caracteres anteriores según el genotipo de SNP3 y sus efectos aditivo y dominante, así como los correspondientes valores p asociados.

Item	n	Genotipo				Valor aditivo y dominante			
		AA	AG	GG	p	a	p	d	p
Edad (días)	617	209,1	209,0	209,2	0,90	-0,01	0,98	-0,17	-0,65
Peso canal (Kg)	614	93,42	94,31	93,60	0,55	-0,09	0,86	0,080	0,27
Espesor de grasa (mm)	582	22,24	22,49	22,49	0,80	-0,12	0,56	0,13	0,67
Magro (%)	582	44,39	43,87	43,95	0,59	0,22	0,44	-0,30	0,44
Peso del jamón (Kg)	611	12,02	12,19	12,09	0,35	-0,03	0,60	0,13	0,16
Jamón (músculo del glúteo medio)									
GIM (%)	615	15,29	14,95	15,20	0,73	0,04	0,87	-0,29	0,43
MUFA (%)	615	15,42	50,45	49,48	<0,01	0,97	<0,01	0,01	0,97
C18:1 (%)	615	46,61	46,02	45,28	<0,01	0,66	<0,01	0,08	0,61
Lomo (músculo longísimo dorsal)									
GIM (%)	236	11,30	11,39	11,11	0,85	0,10	0,76	0,18	0,69
MUFA (%)	236	52,58	51,30	51,50	<0,01	1,078	<0,01	-0,26	0,25
C18:1 (%)	236	56,61	46,58	46,12	<0,01	0,77	<0,01	-0,30	0,16
Grasa subcutánea									
MUFA (%)	103	51,44	50,26	49,68	0,11	0,88	0,04	-0,30	0,59
C18:1 (%)	103	47,81	46,69	46,26	0,13	0,78	0,05	-0,34	0,52

Tabla 6: Efecto del genotipo de SNP3 y efectos aditivo (a) y dominante (d) del genotipo de SNP3 del gen *SCD* porcino sobre los caracteres productivos y el contenido de MUFA y C18:1 en carne y grasa subcutánea.

Se constata que, de media, cada alelo A aumenta un 1% (0.75%) el porcentaje de MUFA (C18:1) en jamón, lomo y grasa subcutánea, de tal forma que substituir un cerdo o producto cárnico de genotipo GG por uno de genotipo AA mejora el porcentaje de MUFA y C18:1 en un 2% y un 1,5%, respectivamente.

En la Tabla 6 también se observa que el alelo A del SNP3 no afecta al peso del canal ni del jamón (valores de elevada importancia comercial), así como tampoco al porcentaje de magro del canal ni al contenido de GIM.

ES 2 717 958 T3

LISTADO DE SECUENCIAS

	<110>	UNIVERSITAT DE LLEIDA	
5	<120>	POLIMORFISMOS ASOCIADOS CON EL GRADO DE INSATURACIÓN DE LA GRASA INTRAMUSCULAR EN CERDOS	
	<130>	P8396PC00	
10	<150>	ES P201231507	
	<151>	2012-09-28	
	<160>	17	
15	<170>	PatentIn versión 3.5	
	<210>	1	
	<211>	20985	
	<212>	ADN	
20	<213>	Sus scrofa	
	<400>	1	
	tctagaccct	ttgaatttcc	acttaaattt
	atctgtttgga	tttctatagt	gattaaatta
25	tatgaacaca	gaatataaca	aattcttttt
	ctcagcattg	ttttgatact	ttcagtgtag
	gtgacatttt	tgatgttctt	ttaatTTTTG
	agttcctggg	ccagggggtc	aatcagagcc
	aacgccaggt	ctggaccgca	tctgtgatgt
30	taaccactg	agcaaggcca	gcatgtaacc
	aaccgcgtga	gccacaagga	gaactccatt
	atttcattct	gcaattgttt	tttaatagaa
	ttctatcttg	acctttctaa	attcacttac
	tatacatTTT	tcatacacac	agttaggtct
35	ttcctatctt	tatatctttc	atTTCTTTT
	gcacaatggt	gactagaaat	ggtagacgat
	tttttttttt	tttttttttg	tctttttaag
	tgccctatgc	cacagccaca	gcaacactgg
	gctcatggct	atgccagatc	cttaaccac
40	tcacggttcc	tagtcggatt	cgtctccgct
	attaagtaaa	atgattcttg	tggactgact
	tttgtccac	ttacaagtcc	ttttgctgc
	cccttttctc	atgaaagcca	ttccaaaatt
	catcccgca	acgttcgggg	tggggggggg
45	gtgcctggcg	gcgaacgtcc	cctgctgggc
	gcaggtccac	acatctatct	atgcatctac
	cggcgagttc	agcagtaocg	atctatcgcc
	ttccgccgcc	ggccgacct	cagccctgc
	ggcttcgccg	ggccccgggc	ccccaaaccg
50	cgtctccgcg	agctagaagg	cgggagtggg
	acccacactt	tccccggaaa	cttccttagt
	agtcttgggc	tagcacccac	ctcccacccc
	gacgctctcg	agcgctccg	aggaggcagg
	agagaagctg	aggaggagaa	agggagggga
55	cagcagattg	cgccgagcca	atggcaacgg
	ccaatgacgc	gccagagtct	acagaagccc
	gcaggggctg	cggagaccga	gccgcggagt
	ccccagcaa	gccccggctc	tctgtctctc
	gtgagccaac	tctgcgcact	ttgccccttc
60	tacagatac	ggtcgccac	tgccagctct
	acgcacagca	ggtcggtgct	agacaccgac
	catcgctgat	ctccgcgcaa	gagccggctc
	cacgaactcc	tccttgaaat	ctcatccctg
	atgccggccc	acttgctgca	agaggagggtg
65	gctcgccagt	gctggttggg	cttctagggtg
	aggacagcca	ccTTTTTcga	gttgatatgt
	ttgggaactt	agttctccaa	cttttgtttc
	tagaatctgc	ttgtctatTT	cctcaaagaa
	caacactgag	tctgtccatt	120
	taaagagttt	taaagttttt	180
	tttattcttt	tttattcttt	240
	ggcgacactg	tggcacatga	300
	gcctatacca	ccaccatagc	360
	gccagatcct	gccagatcct	420
	tcggacactag	tcgagttctt	480
	ttttaaacag	tatatTTTaa	540
	aataatTTTT	ttatactggt	600
	actTTTTtg	tggtagattc	660
	ctttcttctt	ctttcttctt	720
	catgcaacct	aggatttcta	780
	cctgttctct	taaggggaaa	840
	tggctaggaa	ctgtagctgc	900
	tatctgtgac	ctacaccaca	960
	cagggatcga	accctcgacc	1020
	gggaactccc	acgactaatg	1080
	ttctatagct	gatagctatt	1140
	aggcacacgc	tgcgcttctc	1200
	aatctgaaga	atttccaaaa	1260
	aaggacggga	tcgctcactg	1320
	gctgaacgcc	gtgcgcgcgt	1380
	acggctgccg	gcctggagac	1440
	tgggcggcgc	agagccattg	1500
	ttcgtcacgg	agggagggtg	1560
	gcacgtctcc	ccctcccacg	1620
	gcggtcgcgc	gcgcggcttc	1680
	tcgcgaagtg	ccccagggcc	1740
	cctcttctct	ttccagggaa	1800
	gaagcccagc	ggccggtgga	1860
	ggagctcgcg	gcagagggaa	1920
	tggcaccaaa	ttcccttcgg	1980
	ccccaggggc	aggggcagag	2040
	tccagttttt	gcgtctccgg	2100
	gcccattgcg	ttctcccacg	2160
	ataaaaaggg	tcagaggaaa	2220
	taccagcct	ggggagacc	2280
	gcaaagggtt	ccgagcgag	2340
	ctacgctcag	tgcggtctgc	2400
	cccaacgtcc	gagagcccag	2460
	taattggcccc	cagaccggcg	2520
	gaagagagtt	gagatcgccg	2580
	ttgggaatgt	ggattgtaat	2640
	aaagaaaaat	ctggtggtac	2700

ES 2 717 958 T3

	ctgtaccctg	atgtgtgtag	gcattgcgggc	tttccctttgt	gtgttttgaag	gggtgcgagt	2760
	gtttttacccc	tctattttccc	cttccccctga	ggttttcacccc	tcttcccccaa	tttctccgcga	2820
	cagttcctgg	ggactttgcgt	ctcttccatc	taggatagac	cttgccctca	ggtaacctgg	2880
	gtattggggc	caggtctctgt	cctatacccc	gcccttcccc	cagctagacc	agggagtgaa	2940
5	gtggcccccta	gtgtctccac	gtgtccctccc	ctctctccca	gctctgcaact	tcactctct	3000
	ttcagatctc	tagctcctac	acaaccacca	ctaccatcac	agcaccttcc	tccagggtcc	3060
	tgcagaatgg	aggggggcaag	ttggagaaga	ctccccaata	cgtggaagaa	gacatccgcc	3120
	ctgaaatgaa	agatgacatc	tatgacccaa	cctaccagga	taaggagggc	ccaaggccca	3180
	agcttgaata	tgtttggaga	aacatcatcc	tcatgagtct	gctacacttg	ggagccctgt	3240
10	atgggatcat	attgatcccc	acctgcaaga	tatacacctt	gctctggggg	aagagggtccc	3300
	cttgtcctcc	tgtctcagta	tcccagggttc	tctccactct	tttaatacag	tagcaactta	3360
	cacagagtag	aaacaccagc	cctccagggc	cgagggtttt	ccaaccattt	ctcttaggtg	3420
	ttgtgggtggg	ctgggaagggg	agtctagggg	gtttgggtag	caggagtgtc	gattctgggg	3480
	cccttaattt	ggggggggg	ttggagaggg	agccctggga	ccatggggcca	caggctttga	3540
15	agttagtaga	tctgtgccag	ggagtgcagt	tttctgtttc	aagtcatttt	cttgactgct	3600
	tgtcccagcc	ctgccagcct	agaaagaatc	aaggccctta	cctggatgca	tgggaacatg	3660
	gggctagact	agtgtgactt	tagagggcac	atgctgggta	tagtcacggg	gtagcaagag	3720
	aaactactca	ggaagagggt	taagcagaag	agggggggaag	agagctgtgg	tcattccatga	3780
	aattattttg	ctaagatcct	tagcctttatc	aggctcctta	attacacaga	cagaggaagg	3840
20	cggctcctgc	atgtctgtac	cctctgtgat	gtcttgctct	gtgactccac	gtgggtctcc	3900
	agggaactgc	acatgccact	caagaaaaatg	ttctaatagaa	ataagggttaa	agaaacgttt	3960
	cctgccccat	tccccaccca	tctgtctcca	gccccctctc	cctgatgcca	ggagtgcctc	4020
	cttgctgggg	acagccaagc	cagaaaagag	actccggagc	agccccggcc	ctcaggctgc	4080
	tgcagtggag	gagacagtcc	cccgtgcgtc	cctgacctgc	ccttagctca	gctctttcag	4140
25	gaatccatgg	cttgggctga	tagtggagcc	ctgccccctc	acacacatgc	gctctgcagg	4200
	cattggcact	cctgcctcga	gtctgacttg	ggaagaggag	agcagggaac	tctaaagatc	4260
	caggagctcc	atgtctgtac	cctctgtgat	gggtgtgggg	ttcagaactc	cctgttcaga	4320
	aagccacggg	atggtttctg	gagcagtgtc	ggatgttggg	tccttgctgg	cagctatgct	4380
	cttggagggt	ggttctacag	aaggactggt	gggccaagt	tcagcaaagt	cctccaggac	4440
30	ctctttgatc	taaagagggt	ggatctgggt	tgcggagcct	tgtcttgcca	gatcctcttg	4500
	gtgccacaga	cagagaaatg	catctgggta	gattccctct	ctcaattttc	ccagacacaa	4560
	actggggaca	acaggacttt	ttttaagctt	agaaaggtag	tgtcctctct	ttggcctccc	4620
	tgaagcatgt	ggagttccg	gaccggggat	cagaccctag	cctcagctgc	aggaatgccg	4680
	gatccctaac	ccaccctacc	aggccgggat	tccacctgag	tcccagcatt	cccaagggtc	4740
35	cgctgatccc	gttgtgtctac	agcggacatt	ccaagaaagg	tgtcctctga	gttcctcgag	4800
	tgtcattgct	ggggccagcc	aggtgcagag	gaaatcaatt	catcctcaga	ccaggaaggg	4860
	ctcttataat	tgttaagggga	gggggacttc	tgtccccag	cccctctgag	aaccagcag	4920
	agcttgagtt	gcagtgtgag	gaatcaagag	ccagggacat	ggatgcccc	gggaatctgt	4980
	gggtccctcc	cctgaccctc	tctccccct	agaggagtct	tcacaagt	agtcacttcc	5040
40	gagtcctccc	ccagcctcag	gactccctgt	cggcctcgtt	aagtcccgag	tttggccagg	5100
	cagctgctgc	tggctcttct	cccttggtct	ctactgcagg	ggacaggatg	ctgtccccaa	5160
	ccaaggctgt	gctgcccgc	tttttggtgc	cctgcctgta	gatgtgtgct	ctgcccttgg	5220
	acagaaacct	gtcacacaga	ctggatgggt	acttttttac	ttgtccctgg	atcctgtggt	5280
	ggtggatggc	ttagctgatg	gaatgaccat	tttggtatgg	ccatatccga	gctcctctgg	5340
45	tggagttggg	gggagggtca	gagttcccga	accttaagag	ttcagggaact	tggcttcac	5400
	ttttctgtgc	ttgtccctaa	ggacagtgtc	gaattagcaa	atggttgtga	ttccagcatt	5460
	tgtcaggagt	gagcaatttt	gagtgtctca	gaagagccct	gagggtcgaa	gcgatacctg	5520
	gcagcacctg	ggggctctga	ggcgaaacgt	ctccaggctc	ttccttaggg	ctaaaactat	5580
	gaagttttgc	ttaaccataa	atctagactt	tagtagagaa	tgaatatcca	actgacaggc	5640
50	ttagggggtgc	tggtagaaaa	aggcaccaga	gacttgggtg	tttccccagg	ttctctgtta	5700
	ggatcatatg	tgtctccatt	tttgtgtctt	gcttttttag	ggccacactt	gcggcatatg	5760
	taagtcccc	ggctaggggt	caaatgggag	ctgcagtgtc	tggcctacac	cacagccaca	5820
	gcaactccca	cgtacaccac	agttcatggc	aatgctagat	ctttaaccac	ctgagtggag	5880
	ccaggcatca	caccatgtc	ctcatggata	ctagtccagg	tcgtaattca	ctgagccaca	5940
55	gtcagaactg	cctgcgtgtg	ctttctgagt	cagcttgcca	gggtcttcgg	ttgcatgtaa	6000
	ccaccccagt	agcttccctg	gttctgagct	acctctttcg	tgtcacaaga	cttttcttgg	6060
	ccttttggtga	ttggcgggct	gcggctcaac	tgtattttat	ccagggtgcag	atgcaggcag	6120
	atgctgcctc	tgggaggata	ttaccacaag	gcgggggagg	ccagaaaatc	acctggaccc	6180
	ctaattgcagc	cccaggagcc	gtgggtggga	cttccttgag	acagactctg	gctccctggc	6240
60	tctctccct	gtcctgtagg	aggaataggc	taggttagag	gaagggtggg	gggacagggg	6300
	gcttgttttag	gaaactgggtg	tctgtggctg	agaacacaag	acaatgtgtt	acaatgtgtg	6360
	gtgtctccaa	ctgcaactaa	gttcagtggc	cactgaggat	ccattgtttc	tagctgcttc	6420
	cctaggaatg	aaacattgtc	aacagtcact	gctctcccaa	ggcctcagcc	tctgcctcct	6480
	agagctgctg	aacagaggaa	gggtgggtgtg	cccagcaacc	cgctccccag	ttagagactc	6540
65	caacctgcac	ccctagaacc	tgcaggcccc	caggaagatg	aggtagacag	cgctgggggtg	6600
	ccccccacca	cagcttttag	cctgccttac	cgctgctag	aattaacctc	gacgggggta	6660
	tgagctgact	gaggaagggtg	gcaaaggaga	gatgcaggag	cgctgcgagt	atcttggggcg	6720

ES 2 717 958 T3

	gggggggcat	ggtaaacatc	ctcgagccag	ggctcaggag	caccaagtac	ttgttgacag	6780
	aacacctcat	ttcaaaccat	ggctccattt	tttttttttt	tttccttttg	cttttttaggg	6840
	ccacaccttc	ggcatatgga	ggttcccagg	ctaggggtct	aatcagagct	gtagccaccc	6900
	acctacacca	cagccatagg	aactcaggat	ccgagccgca	tctgcgacct	attccatagc	6960
5	tcaactgcaac	gccagatcct	taactcactg	agtgatccca	gggatcgaac	atgcaacctc	7020
	atggttacta	gttgatttag	tttttgcctg	gccacaacag	gaactcctat	ggctcccttt	7080
	cttactagcc	atgtggcctt	agataaacac	ttaatctttt	tgagtgtcta	tttctttggc	7140
	ttaaacccca	tgcaaggat	ccagtgaatc	aaagaataca	gaaatctgga	gttcccccta	7200
	tgtctcagcc	gtaacgaacc	tgactagtat	ccataaggac	tcgggttgat	ccctggaccc	7260
10	gctcagtggt	ttaaatatcc	agcattcctg	taagctgtgg	tgtgggttgc	agacacagct	7320
	gggtgtctgg	gtggctgtgg	cgtacgttgg	cggctgtggc	tcctaattcca	cccctagcct	7380
	gggagcttcc	atatgctggg	gatgtggctc	tagaaacaaa	cacaaacaaa	caaacaaaaa	7440
	tccttggcaa	agcttaagac	tgtgcagata	tgacttaggt	gcaaggcgag	ttttcccat	7500
	tctgtgacca	cgcagcttgc	caaaaagactg	aaatgggttt	gtaccagatg	gtaaatagct	7560
15	ctagtcttga	gccccccccc	cgccccccgc	tgccccccat	gtccccctaga	acccagagtc	7620
	cctcaaaactg	gtcagtgccc	aggccatcct	gtcttacata	ttttaatact	gcccttgttt	7680
	atgggtcttc	agctctgcaa	gagtactctg	tggtccttaa	aactgtggag	aagcttagtg	7740
	aaggtcagag	gagatgggac	ctgggataat	gtccttcatg	acagagaatg	acaagtggct	7800
	ggagggtgag	agccctcttc	tctgtcccgc	cttcctgaac	tttctgggac	ctgtaagctt	7860
20	attcagctg	tgaggctaa	aggataggag	gagatggtaa	tttttttcca	agtggtaaaa	7920
	ttgaagggga	ctaagagatc	taggtgtccg	tggagtccag	ggaaaagcag	atcctcacct	7980
	gcagcctgaa	ggacacctag	acgctgacct	gaggagaaca	tcacgtgtaa	gacttgcccc	8040
	gattactgac	tccctgtcct	gtcttcgggc	agcgtttgcc	tactatctgc	tgagtgtgtg	8100
	gggtgtcacg	gcaggagctc	accgcctgtg	gagtcaccga	acttacaagg	ctcgactgcc	8160
25	cctgcgggtc	ttcctgatca	ttgccaacac	gatggcattc	caggtaaaga	gccagctgtg	8220
	ctcagctctt	tatcaaacgc	aggcgatggg	tgcttggagg	ggagcagcac	ctggacagct	8280
	acttcacttt	cctctctgct	tccagtcacc	tcaagttcag	gttcagtcct	tgggtccata	8340
	acacctgcag	tactttggag	tgactggaaa	agggaaatag	gggataaaga	ggaaatagcc	8400
	tctgtgtata	ggatcgtttt	cgagcctccg	ttgtcacaca	gtctggtcgt	tgtggtccct	8460
30	tcattagtgc	acgaggcagg	aactgacct	gatttcctag	gcagccggtg	gacaatacat	8520
	tcactatttt	agggtgaacat	ctcaggactc	cacaaaaagg	gattaaagtt	aatgtttcac	8580
	agattcatga	accctattgt	tttcagggtga	gaagatcaaa	cactttttata	gtgttaacta	8640
	tacctcctgg	ccctattctg	agcacttgac	aaggattaca	ccattaagcc	ctcccaacag	8700
	tcttaggagg	ttggtactgt	tgtgatcccc	atttcacgga	gggggaagct	gtgtcactga	8760
35	gggtgtagg	agaccatcat	tatggtcctg	tgttgagctg	ccaagctgtc	taagtcaaat	8820
	attgaggctc	gctgaagccg	gaagctcata	gcagggaatt	ggagaaagg	aactccgagt	8880
	tattgaacag	cagcactggg	caaaggctag	catgttgtgt	ggggcttagc	ttggatcaag	8940
	gggcaaaaag	aaggaaacca	aatcggttcc	tttcttcgtg	gcagtgtctc	acacagctgc	9000
	ataactgtct	tctgccatag	cacttaacgc	cttgaaggcc	cctgatgtgg	tcctgtttgg	9060
40	gtcaaaaagaa	ggaagagata	ttggcacctc	ctctaagcga	tagaaagtgt	cccagaggag	9120
	cccagagacc	attttgaaat	gcggtcaaat	catgattatg	tgtctggcct	tgttgagttg	9180
	tgggagctga	atcttgccaa	gggattaggc	agcctgtgaa	gaccttttgc	tccagttctt	9240
	gctggaagaa	ttgcaatttt	acctcctagt	gaaactcttc	aagctctata	caatccatct	9300
	ccattctgcc	caccatataa	cccgaagaa	gcagccagcc	ctattcatgt	ggtcctgaga	9360
45	cttgaagggt	cttttccact	taagcatcag	tggccagtta	gagaggaggc	aactccctga	9420
	ctctcctctt	ggagccctga	ctcccaggta	tttcgcagac	ttgggctgag	cgccctgggc	9480
	tcttgaagac	acctagccat	tggcattccc	ctgagagggt	gtctctcttc	aggcctccat	9540
	tcctcttctc	tgtccctcca	gaatgacgtt	tatgaatggg	cccagagatca	ccgtgcccac	9600
	cacaagtttt	cagaacacaga	tgctgatccc	cacaattccc	gacgtggctt	tttcttctct	9660
50	cacgtgggtt	ggctgcttgt	gcgcaaacac	ccagccgtca	aagagaagg	tggtttgctt	9720
	aacatgtctg	acctaaaagc	cgagaagctg	gtgatgttcc	agaggagggtg	agtgtctgtg	9780
	tggtggagct	gggcgcctgg	tgtttgggga	caccctctcc	cctccctggt	tttcttctta	9840
	ggacttgtcc	acataagctg	ggaaactgac	agggctctgc	taccccaaat	cataattcaa	9900
	aaccttctct	ttatggggcca	cagccataga	ctgttgttga	ttctttctct	ctgagctaaa	9960
55	aaaaaaacca	gttaagggtca	acaatgtgtg	ttgacctgtt	acagtcatgg	atacaagct	10020
	acatgttgcc	atagtcctta	ccttcaagaa	gttcatagcc	tgttggggat	gggagcacta	10080
	agccagggtg	ccaaatacct	atgacatggc	aaaatatattt	tctgtcccca	ggaaaggcac	10140
	agaggggagg	gagactgtgg	agtggggaac	attagagaag	ggttttagga	gaaggtagct	10200
	taggaatcca	ctggtggata	gagattttca	caagtggttg	cggaggggga	ggcagtgcac	10260
60	acagaaagaa	tgagctaaag	catgaagcat	tgctcagcaa	tagagtcocct	ctgcttaaa	10320
	tacagggtgt	ggtaggaaat	aaagactaga	gagaccgaga	cctttcttgt	ggggccttaa	10380
	gagcagacag	ggtttaattc	aactccagca	ataggaaacc	atggaagggt	ttttgagccg	10440
	gaatgtgggt	agaggtgtgc	tctggagagg	tcaccctgca	gatagggtgaa	agaaaccatt	10500
	gggctgaaga	ggtgagctgc	agggccccag	gtgaggagggt	actgggcac	tgtgtctggg	10560
65	aagtgggtgg	acggagagga	ggcgaaatgc	ggggacacac	gtgatccaag	agtagcagac	10620
	ttgactgctg	aagaggtgca	ggaaatcagc	tcctcgggaa	tgtcagtagc	ctgttttact	10680
	ttggggagaat	gaagaaatggg	ccagggcctc	cagagggaca	gcctgcaggc	atccggggaca	10740

ES 2 717 958 T3

	ctcgggtgtgc	ccctgagggg	aaaagaagag	aaaggatcag	aaggcttgct	ggctagcaag	10800
	agaggaaggg	aagataccaa	acacagattc	tgcaaaagagc	actgacacca	agagaggagc	10860
	aggcagaatg	gaaagacctg	ggcaggagaa	ctcagttcag	taatctgtaa	tttgggccgc	10920
	ccctgttggtg	gtacgattag	gctgtggtca	aagagagcaa	tggatggaga	gtcgggagac	10980
5	aaggcattcc	agcccttgct	ccactgggtc	ctgggtggtat	gaccctagaa	aagtcattta	11040
	gcccctcctt	accttacctc	atcaaaaaag	tatgataata	acactgcctt	ctcaaaagac	11100
	taccaccccc	atccctcttg	ctctgttttc	tgccaccttg	tgctcacagc	gtagagggtg	11160
	ggggacagct	cagcccatg	aaaggacaaa	gtcagagtcc	cctccatgaa	tggggtgtgt	11220
	gatctctccc	tgtaggtact	acaaaccogg	tatcctgttg	atgtgcttca	tcctgcccac	11280
10	gatcgtgcc	tggtattgct	ggggtgaagc	ttttcccaa	agcctgttcg	tcgccacctt	11340
	tcttcgttac	gccatcgtgc	tcaatgccac	ctggctggta	aacagtgcctg	cccacctata	11400
	cggatatcgc	ccttatgaca	agactattag	cccccgggag	aatatcctgg	tttcattggg	11460
	agctgtgggt	aagttagcag	tccatagcaa	gaccccatct	agtgggctgc	tggttaagag	11520
	taacctagcta	ggagccagaa	aaaccagatt	aacctgcttt	atgacctctc	tctgtttctc	11580
15	tgctataaaa	ctaaggtgca	atagtagata	ccccttgaga	ggtgggcagc	aagtcttata	11640
	taaagagaat	tgggctaaaa	aataacaatg	tctctgagtc	caggttccaa	aaagatcccc	11700
	aggtgctctg	gatgaggaac	cgctttggct	tgtccttttt	ccagtcacat	ctgagctggc	11760
	acatgggtctg	gctaggggca	gggactgcac	gaatagaaca	gtaggggtctt	ctgggtgggc	11820
	agtaagccta	gtgtttttta	tttagacatg	ctatacaaaa	tgacagaaca	atccttaaca	11880
20	tttcaacaa	cttctctttt	atcaccttgc	tatatctaga	gaggtcgaac	tcaaagtgtg	11940
	tttcatgcct	tattgttttg	tgtgccaac	atgaaggacc	tcaaagcaac	tgttgggtggc	12000
	ccttttatca	ccgcccagcg	ctctcatctc	ttgtccttta	ttcttctctt	gtcctttatt	12060
	cttctctaac	ccgtgctggg	aacaccogct	ccccttaaca	tggcttggag	aactcctgat	12120
	aaagcagtta	atttgatcac	aagtctctgc	tcactgatct	aatgctgact	attcaagaat	12180
25	atctttctaa	aaaaaaaaaa	agttatatct	ttctctcatt	ccagttgcaa	tagccagaat	12240
	ctaagacaac	agtgttctac	catctgtctc	ccttttattt	tttcccttgc	cactcttttc	12300
	aactaaacat	agatcttgac	taacgcctgg	aagcagtttt	ccttaagcag	cgctgtgac	12360
	ctcttccacg	ccagtgatca	gtgccactgg	ttgtctggca	tatctaggca	acctccctgc	12420
	tccccacatg	tgtgtacact	gcggcctagc	ttttgctttg	ttctctttta	aacctttctt	12480
30	tatgtgctca	accctgagca	tctttttttt	tacaatctgt	actaaagaca	tttcattttgt	12540
	atcttttttt	tttttttttt	tagtgccgca	cctgtgccat	atggaagttc	ccaggctagg	12600
	ggtccaatcc	gagctacagc	tgctggcctc	caccacagcc	acggcaatgc	cagatccaag	12660
	gaacctacac	ccagctgcat	ggcaatgctg	gatccttaac	ccactgagca	aggccaggga	12720
	ttgaacccac	aacctcatgg	ttcctagttg	gatttggttt	tgctgagcca	caagggggaa	12780
35	tcctgtatct	cttttttaact	ttcatgtatc	ttccccctcc	tttcagggac	cctctaccat	12840
	tgtgcatgta	tctactctga	accatgtttg	aaatctaaca	ggctattttc	atagatttat	12900
	gaatgttgcg	gaagtctctg	gaatgagact	ggtcctggat	ttagaatgag	ctcccccaac	12960
	cccagtcctc	ttctaaccat	ccgttcaaa	tagctgccaa	catcttcctt	tgtctcaatt	13020
	atcattctac	cctccatcct	ggctgctctc	ccccttatta	cctcaccctt	tgttctccca	13080
40	tagctggcct	cctgtctcatt	ctaactgttt	tctccttgaa	ttacctcccc	cacagtccca	13140
	tgctcatctc	tccgctaagg	ctgacctcct	gccttgagcc	tctcctggac	tgtgtcttgc	13200
	tgccccagtt	gcagagtctt	gtccttctcc	tctttttttc	tccttgggca	actagtgtgt	13260
	gtctgattaa	agttttaaat	ctgataagta	tatctgataa	gcctggctag	tgcttatcaa	13320
	gatcctagct	gcagaatttt	atggaaatcc	gtacttttag	ccttgggggt	atcctaccct	13380
45	cctactcagt	tcacactaga	taagctgatt	atccacttgg	tagagagtca	gacagaggac	13440
	ctacctcgaa	tgatgccctg	gatggtgtca	tttcccttgc	agaatttctt	tccttgcttg	13500
	ttattaatgt	cttactactc	ctactaaggc	tctttcatct	tcaaagggct	caacatgctc	13560
	ttttattagc	tattcttgcc	cagctctgcc	tgggcgtcat	aaggggtcag	cattgtcata	13620
	ggtgaatgct	gttcggaaaa	aagatcccgc	caagggttgg	agacctctgg	ctctggagtt	13680
50	tgacacagct	aactcatgac	agacattatt	ctgaatccag	agtttctctg	attttcttct	13740
	atggagcaaa	gtgaactcct	ctcagaagca	tagaggtttt	ttattctaat	tctaagcctt	13800
	ttgattctgt	ttccctcaga	gagcttctgt	cttatcagct	tgacccccac	accaggattc	13860
	aagctcaaa	aattagaagc	cagagcagtc	ccctctgaac	cagtggaaac	tgaggaaatg	13920
	tgggccccctg	gtctgggccc	ctttctgact	tttgactggt	ggtgcctgat	tcctgtgtac	13980
55	cttctgccc	tagagatggg	atggtacagt	ggggaaagg	atacccccct	gtcacctttt	14040
	ttcagaaaca	cggcagcagt	tctttgttct	agactcttct	ctcctcacc	taacacatgc	14100
	tcactcatac	agagctttta	ggtctcagac	caataactag	tgaagctctg	gaatttccca	14160
	atctaaaaat	tatccccctg	gatagcagtt	tctctccggt	catcttatcc	cctcagagga	14220
	actgtcagtc	ctcttcccac	agaggctccc	agagagccat	ggcgaccagg	gtgtccccag	14280
60	ttgtttctta	agtgctcctc	gaggggactc	atttagttga	aaagactgga	ttcatttcatt	14340
	caaccacagc	aagttatctg	ctaggtttga	gctgtgccac	ccccagtgtg	gcttcatgac	14400
	ttttctctgc	tttttattcc	aggtgagggc	ttccacaact	accaccacac	ctttccctat	14460
	gactattctg	ccagcgagta	ccgctggcac	atcaacttaa	ccacgttctt	catcgactgc	14520
	atggctgccc	tgggtctggc	ttatgaccgg	aagaaagtat	ccaaggtctg	catcttggcc	14580
65	aggattaaaa	gaactggaga	tgagagctac	aagagtggct	gagtttgggg	tccttggggt	14640
	tccttttctg	aaagccagct	gggcagaggt	ttaatgttct	gtttattaac	tactgaataa	14700
	tgctaccagg	atgctaaaga	tgatgatgtt	aaccggttcc	agtacagtat	tcttttaaaa	14760

ES 2 717 958 T3

	tttcttttaa	gattgaaagc	ctacaattct	gcctttatga	tgctaagctc	atattcttgt	14820
	ttcttctctc	tcttctagtc	ccattgtcct	tctcttggct	ttgttctctg	caccttcctc	14880
	tctcttcccc	ctcactgtgc	cccaggcaag	gagctgggtc	gtcgttgggtg	ggtttccagc	14940
	ttccaaagcc	tagacctttc	agtagtccaa	aactgggtgag	cggctctttgc	cccagatagc	15000
5	tctttctttg	agttgtcctg	agctttaagg	tgggtggctc	aagggagaga	ggtgataaaa	15060
	tcttctggga	aagcccctgt	tcattatttt	cagcccagac	ttttgctcaa	tgacaaaaat	15120
	aactctattt	tggcacaaaag	cttcgaaaagc	aggttaacctg	tcaggggagg	gagttagcat	15180
	gctgtgtgtg	gtgggggttga	taaagaaggg	ggaggtgagg	tgggaaacca	ggcaggaggc	15240
	tcctgctgtg	atgggacact	cggctgactg	cccagtgagg	gctttgcgcc	ctggcacaca	15300
10	gcattgcttc	tttctctcct	gactctgggg	aatggccgtg	gaacttggca	atgctagaac	15360
	tcaaaagcac	atcccagtg	cccaatgtac	gttaggctga	ggataaagaa	gcagcattta	15420
	gtttgtggca	gcagtggtct	ctgctgggga	agaagtcttt	cttgtctctt	taataacagg	15480
	aagatttctt	attccataga	gtgagaaatc	ttgaggttct	ttccggaatt	gctgaatcgg	15540
	caactcatgg	aattgtcctc	actcttttca	tcttcccgct	ctgccatctt	tgggatacag	15600
15	ctccccctcat	agtaacaata	aggtggctgc	cgcattttga	gacatcggaa	ctgaggtgtg	15660
	ttgggtgtac	cgtggtgagc	ttaactatct	tcccaaaaag	aaaggatttt	agcaggtgga	15720
	ggtgggtccc	acataaagat	agttaaacct	cgttactttg	cttggaatac	caacataatt	15780
	ctcttggaact	atttccctct	gaaagagaag	gaggcttgag	aagaggaaga	atgggggtgg	15840
	atggtctcct	ttcctctctc	tgctgaacag	gagatggagg	ggttgagggg	caggggtctag	15900
20	aggcagctcc	cattgcataaa	cattgcaaac	gaagggtcct	gggggattca	gaaggttact	15960
	gagtaagtta	ctggacgtcc	tcctatggga	agctgggtcac	acaggcaagt	tagatattgg	16020
	ggttcatttc	attcattcca	gttgctgctt	ggaataagga	actagaaggc	tgctccccac	16080
	agtgtgaaag	cctttcactc	ctgccttcta	gcctcaagcg	tactaccctg	actatggatt	16140
	cctgtctctgc	cctgtctatc	cgttttttcc	tgccgggtct	atctcctccc	tgagggtttt	16200
25	cctttctctc	tggagggcag	gcctcctttg	ggagtatgca	aaggcagtga	tggctgctgc	16260
	tctacaggca	gcttctctct	ccacagtcag	aatgctcagg	gtcactgaac	cactgtttct	16320
	cttcacaaaag	gtgagctagc	tgccacctcc	acgtggcctc	cagagtctcc	acctgcaccc	16380
	ttgtgctccc	ctgccactcc	aatgattcaa	gacaaggcgg	gcaaacctcc	ctagaaacat	16440
	cccgggcacg	ggcatccttt	ctcataaggc	acagccaagc	caaagtctca	cgttggtgcca	16500
30	gtgagtcagc	cacagagcaa	aagaggggtt	gtggttagtc	tcctctatct	gggtcagaac	16560
	cagagagcag	gctggatgcc	ccctgcttgc	tcggtaagcc	tgcccagcct	gagtcaatgc	16620
	tcacggctga	cagtgcattg	cttgacagaa	caggagggag	cctggtcttc	actgggaagc	16680
	acaagaggcc	aagacaagt	ccaaagtgcc	tcactccaaa	gggaacctcg	tccctggag	16740
	ctaggggtga	ccacaaagct	ttggctgagt	cttgggctga	acagcgtctc	tgttcagcaa	16800
35	actaaccagc	attccctaca	gcacagccca	aggcagacaa	gagaatagaa	gagggctgga	16860
	aaacaaaaaa	taagaacctt	ggccactccc	tgtccctgta	acctcagtcg	tcaacacaga	16920
	agcctggcct	tactctaaag	attggaaata	tacaatacca	gatgctctgt	ccactgttga	16980
	gccccaggag	tggaagggca	gagagcattt	cttcctgtat	taactgagta	aatggaggat	17040
	aaaggggttg	ggctggacta	gaggcatctt	tgtcttttga	gccattcttc	tcagtagaaa	17100
40	aaaaagctga	tggaaagtca	ctgtgaattc	tcactccaga	cccaagcacc	tactctttgg	17160
	aaatgactgt	tgggttagtt	ttaattccac	aggctcgtcag	atgcctgctt	tatagctgat	17220
	gatcaaaacc	aactttttatc	tttctattct	aattgttttc	aatggatctg	atccatacca	17280
	taaccctaca	caaggctgga	tggggttctt	aggccaaggg	ccccagtgtg	tgtgtggatg	17340
	tgtaggggtg	gagggcgggg	agtaaggaat	acttttttca	aggttctaaa	gctgaattca	17400
45	aatgacgc	taatgaccca	gaaactcaga	tctgatagaa	tctgaatttc	taacaggcct	17460
	tgctttgtag	gtgtactgac	aacttatctg	ggggccttac	atctttttta	atcgggtgta	17520
	cgtccgagcc	tgctctgctc	cctcactccc	tctgcactcc	ctctgtggcg	ttcccttgcc	17580
	cctgagagcc	tgcagaagtg	gctggtagaa	gtggggggct	ggctggagaa	ttatcagtat	17640
	gcaggattcc	tttctgggct	ttgttttgga	aactttcctt	agggtgtgtt	ttattaagtg	17700
50	cccacatttg	acggaagggtg	gaaggaaattt	gaatgtatatt	gatttataat	gttattatta	17760
	ttattttttt	agattaaaaag	atggtttagt	catttaaaac	ggaaaccttt	tctcctgggt	17820
	agctagtatc	ctgagtgtat	tctctgtaag	tgtagctcaa	atgggtcagc	gtgaagaaaa	17880
	gttaaagaaa	gcacgatgtc	aaggttacac	gggtgggttaa	ggccagggcc	tctcctacca	17940
	ctgtgccact	gacttgctat	gtgaccttgg	gcaagtcatt	taactataat	gtgcctcagt	18000
55	tttcttctctg	ttaaaatggg	ataataatac	tgacctacct	caaagggcag	ttttgaggcg	18060
	tgactaatgc	tttttataaa	gcattttggg	atccttcagc	agaggaaattc	tcttaagtcc	18120
	tgagtatttt	tataataaca	gtatccacca	tgaactgtgt	ccaccatgaa	ccctgtgtcc	18180
	tggatgctgt	cattaatctt	tatggttctc	tctgagaaa	tgaataaacc	caatagataa	18240
	gtgggtggata	actagtccga	cagaatctga	gaatgcataa	actcattgcc	atggaaacat	18300
60	acacaggata	ccttttccct	gattgggtgg	gattttttcc	cctttttatg	tgggatagta	18360
	gttattttgtg	gcctaagaat	aatttttgga	taattttctat	taatatcaac	tctgaagcta	18420
	gttgtagtga	tctgagattg	tgtttgttca	taataaaaagg	gaagtgaatc	tgattgcctt	18480
	gtgtctgaga	ggttttttgc	ctgtgagtca	gtctcttggg	acttaatctg	ccaccctatg	18540
	tctgttccct	gtacctttaa	gagagtaaaa	aaagtagaag	ctacaatggt	tgattcacac	18600
65	tctagtaacc	cgccctgccc	tccttgccct	tcttaggggt	aacttttaggt	taaactcagc	18660
	cttggcagca	ggaagccagg	agtctgctgc	cattagatca	gacatgttaa	ccccagctgg	18720
	ctctttggcc	ctgggggaaat	gccagggtctc	tttcggtaac	atggggccaaa	atgatactga	18780

ES 2 717 958 T3

	gagaggaaag	gagcagcagg	tgacacttcc	ctggaaaggg	gttctgtacc	tggaaccca	18840
	ggctggggcca	tctgtcttca	tctctctgaa	atgtagcccc	ttctgggaat	aaagtggctt	18900
	cctgaaaatg	ctgattaaca	acagcaggaa	gaaaggaaaa	gcaatcctag	agaagccttg	18960
	taaattcctg	gaatagagag	ggcttcatga	tcatcaacta	gaaaggcttt	ggcttttact	19020
5	gcttttagcta	agaatctttt	tttttttttt	tttttttttt	gtctttttgc	tatttctttg	19080
	ggtcgctcct	gcagcatatg	gaggttccca	ggctaggggt	ccacagcaac	gcgggatccg	19140
	agccgcgtct	gcaacctaca	ccacagctca	cagcaacacc	agatccttaa	cccactgagc	19200
	aggggagagg	accgaacccc	caacctcatg	attcctagtc	ggattcggtg	accactgcgc	19260
	cacgacggga	actcagctaa	gaatcttgat	gtgcaaacga	gaagggtttt	ttttgaagag	19320
10	gcttcattttt	ccaacaggag	ccacctaagc	ttctgagcat	tccccagacc	cccccttac	19380
	actttctagt	gtaacgtcgc	cctcaccttg	gacaagcacg	actctcagtg	attcatccca	19440
	aatcaagtct	atattcagtg	aggccttgcc	aggccttaat	aacgtaaaatt	gatggtggca	19500
	ctttcttaatt	atctggcttt	ctaccctttt	ccctctattg	tgtttaaaat	gttcgggttg	19560
	gaccattttt	ccattttata	taatggcatg	gttcgcgcca	agtctctgtt	tttgagggca	19620
15	aagacatcag	ccacatgaga	aagggcagct	gtgataaaact	atagttagtc	taggatgata	19680
	ctcatgaaac	caaattcctt	ggaacaatct	atatcagata	gagggattgg	gaccatgcgt	19740
	caacagaaat	ctcacacctt	cttttttttt	cttttctttt	ttggtcgcac	atgcagcaca	19800
	ttgaagtcc	tatgtgacct	atgccacagc	tagggcaatg	ttggatcctt	aacccactgt	19860
	gccacagcag	gaactcgcta	tgacaacatt	tgggtgcagga	aacccaaatt	gtgagtccac	19920
20	cagactcaat	aacattttact	ataaacagcc	attgtagtga	gtgcttgaca	gtgcattatc	19980
	acagcatttc	caaagcaggt	gccatcatta	ccctaatttt	attgatgaaa	ttccctagaa	20040
	gagaaagaac	acaaggcgag	ggagtatgca	aggatgctgt	gattcagctc	agaactttgc	20100
	ttatttactg	ctctccaaat	gggtgtaaag	tagataagca	acttgataag	tctggatgca	20160
	taagtcccat	atatgtgaagt	agatgcctgg	cgatattcag	ttatgctcag	aggtaaaact	20220
25	tggtagcaat	ggtacagagc	ttagtttatg	caaagtcaaa	tcgcagatgt	gtcctctgtt	20280
	ccagaggaac	ccaactcact	ccacctcccg	acatgttttt	acattcaacc	acacctgagt	20340
	tttaaagctc	tcagaccata	gaaaccattt	cttgggcgcg	tcccacggca	tatggagggt	20400
	cccaggtcag	gggtcgaatc	ggagctgtag	ccaccagcct	acgccacagc	cacagcaatg	20460
	tgggatccga	gcctcatctg	caacctacac	cacagctcac	ggcaatgctg	gatccttaac	20520
30	ccactgagca	aggccaggga	tcgaaccgcg	aaactcatgg	ttcctagtca	gatttggtta	20580
	ccactgagcc	atgatgggaa	ctcctcctct	atcgttttgc	aaaccatact	ccatccaccc	20640
	tgtctctgtg	ttttgagatc	tttaagggca	tctctctttt	tagaaatgtc	tcctgcccct	20700
	aatggatcag	tgcttaataa	aagtattgaa	agacctogtt	tctagtttta	aattctgtct	20760
	ctgtgacaaa	ctgtgtgaaa	tgtcacaggg	agtgggaatt	gcattctgtg	acctgtagtt	20820
35	aacttactaa	actgcaggca	aaaagccgat	tcctgcgatg	tgactttggg	gcaaatacca	20880
	caagctctaa	ttgcagggtc	caagaagttg	agattctata	ctgggattgc	ccctcccccg	20940
	cccggggcct	gcccagcctg	ctgcaaccca	ggccacagag	agctc		20985
	<210>	2					
40	<211>	20					
	<212>	ADN					
	<213>	Secuencia Artificial					
	<220>						
45	<223>	Promotor-F					
	<400>	2					
		acttccctag	tgcccatcct				20
50	<210>	3					
	<211>	20					
	<212>	ADN					
	<213>	Secuencia Artificial					
55	<220>						
	<223>	Promotor-R					
	<400>	3					
60		gatcactttc	ccagggatga				20
	<210>	4					
	<211>	21					
	<212>	ADN					
	<213>	Secuencia Artificial					
65	<220>						
	<223>	3UTR_F1					

	<400> 4 aagtatccaa gggctgccat c	21
5	<210> 5 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
10	<220> <223> 3UTR_R1	
	<400> 5 caattccgga aagaacctca	20
15	<210> 6 <211> 21 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
20	<220> <223> 3UTR_F2	
	<400> 6 tggggaagaa gtctttcttg t	21
25	<210> 7 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
30	<220> <223> 3UTR_R2	
	<400> 7 ggttcagtga ccctgagcat	20
35	<210> 8 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
40	<220> <223> 3UTR_F3	
	<400> 8 tttcctgccg gttctatctc	20
45	<210> 9 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
50	<220> <223> 3UTR_R3	
	<400> 9 gagtaggtgc ttgggtctgg	20
55	<210> 10 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
60	<220> <223> 3UTR_F4	
65	<220> <223> 3UTR_F4	

ES 2 717 958 T3

	<400> 10 atggaggata aaggggttgg	20
5	<210> 11 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
10	<220> <223> 3UTR_R4	
	<400> 11 acttgcccag ggtcacatag	20
15	<210> 12 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
20	<220> <223> 3UTR_F5	
25	<400> 12 gtcaagggtta cacgggtggt	20
30	<210> 13 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
35	<220> <223> 3UTR_R5	
	<400> 13 caggacatag ggtggcagat	20
40	<210> 14 <211> 24 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
45	<220> <223> Cebador directo para el genotipado de SNP3	
	<400> 14 tgccagctct agcctttaaa tacc	24
50	<210> 15 <211> 20 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
55	<220> <223> Cebador reverso para el genotipado de SNP3	
	<400> 15 cacgttgggt cgggtgtgtct	20
60	<210> 16 <211> 14 <212> ADN <213> Secuencia Artificial	
65	<220> <223> Sonda para el alelo G	
	<400> 16	

ES 2 717 958 T3

	acccgcgcac agca	14
	<210> 17	
	<211> 16	
5	<212> ADN	
	<213> Secuencia Artificial	
	<220>	
	<223> Sonda para el alelo A	
10	<400> 17	
	agaccacgc acagca	16

REIVINDICACIONES

- 5 1. Un método para genotipar un sujeto que comprende detectar en una muestra de dicho sujeto el nucleótido que ocupa la posición 2281 en el gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI (SEQ ID NO: 1), y donde dicho sujeto es un cerdo.
- 10 2. El método según la reivindicación 1 que comprende adicionalmente detectar en dicha muestra el nucleótido que ocupa la posición 2228 de dicho gen y/o el nucleótido que ocupa la posición 15109 en el gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI.
- 15 3. El método según la reivindicación 1 o 2, donde la detección del nucleótido en la posición o posiciones polimórficas dichos SNP comprende la hibridación con al menos una sonda específica para dichos SNP.
- 20 4. El método según la reivindicación 3, donde al menos una de las mencionadas sondas específicas es una sonda capaz de detectar el nucleótido en la posición 2281 del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI en el gen *SCD* de *S. scrofa domestica* o una variante polimórfica en la posición 2281 de dicha secuencia.
- 25 5. Un método para predecir el grado de insaturación de ácidos grasos en un sujeto o un derivado cárnico del mismo, que comprende detectar en una muestra de dicho sujeto o de dicho derivado cárnico el nucleótido en al menos una posición polimórfica en el gen *SCD* de *S. scrofa domestica*, donde dicha posición polimórfica es la posición 2281 en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI (SEQ ID NO:1), y donde la presencia del nucleótido A en la posición 2281 en al menos un alelo del gen *SCD* es indicativa de un alto grado de insaturación de ácidos grasos con respecto al valor de referencia, y donde dicho sujeto es un cerdo.
- 30 6. El método según la reivindicación 5, donde la presencia del nucleótido A en la posición 2281 en los dos alelos del gen *SCD* está asociada con un alto grado de insaturación de ácidos grasos con respecto al valor de referencia.
- 35 7. El método según cualquiera de las reivindicaciones 5 o 6, que comprende adicionalmente detectar en dicha muestra el nucleótido que ocupa la posición 2228 de dicho gen y/o el nucleótido que ocupa la posición 15109 en el gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI.
- 40 8. El método según la reivindicación 5, donde la detección del nucleótido en la posición o posiciones polimórficas dichos SNP comprende la hibridación con al menos una sonda específica para dichos SNP.
- 45 9. El método según la reivindicación 8, donde al menos una de las mencionadas sondas específicas es una sonda capaz de detectar el nucleótido en la posición 2281 del gen *SCD* de *S. scrofa domestica* en base a la numeración de la secuencia definida por el número de acceso AY487830 en la base de datos NCBI en el gen *SCD* de *Sus scrofa domestica* o una variante polimórfica en la posición 2281 de dicha secuencia.
- 50 10. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9, donde la muestra se selecciona del grupo que consiste en sangre, pelo, epidermis, saliva, esperma, grasa subcutánea, músculo y derivados cárnicos de dicho sujeto.
- 55 11. El método según la reivindicación 10, donde el músculo se selecciona del músculo del glúteo medio del jamón, el músculo longísimo dorsal y el músculo semimembranoso.
12. El método según la reivindicación 11, donde el derivado cárnico es jamón o lomo.
13. El método según cualquiera de las reivindicaciones 5 a 12, donde el grado de insaturación de ácidos grasos en grasa intramuscular es determinado.
14. El método según la reivindicación 5, donde el cerdo es de la raza *Duroc*.