

ESTUDIO DE ASOCIACIÓN DE LOS EFECTOS GENÉTICOS MATERNOS SOBRE LA GRASA INTRAMUSCULAR Y LA COMPOSICIÓN DE ÁCIDOS GRASOS EN CONEJOS

El Nagar¹, A.G., Sosa-Madrid², B.S., Hernández², P., Blasco², A. e Ibáñez-Escriche², N.

¹Department of Animal Production, Faculty of Agriculture at Moshtohor, Benha University, 13736, Egypt.

²Institute for Animal Science and Technology, Universitat Politècnica de València, P.O. Box 22012, 46022, València; noeibes@dca.upv.es

INTRODUCCIÓN

Los efectos maternos juegan un papel importante en caracteres de crecimiento en mamíferos. En conejos y cerdos, dado del corto intervalo de tiempo entre el destete y el sacrificio, estos efectos no solo tienen efecto en la lactación si no en el período de engorde, pudiendo influir en caracteres de calidad de carne como la grasa intramuscular (GIM) y sus ácidos grasos. En la Universitat Politècnica de València se llevó a cabo un experimento de selección divergente para GIM del músculo *Longissimus thoracis et lumborum* en conejos durante 10 generaciones (Martínez-Álvaro *et al.*, 2018). El objetivo del presente estudio fue evaluar el efecto genético materno (EGM) e identificar regiones genómicas y genes candidatos de los EGM asociados con la GIM y su composición de ácidos grasos en las líneas de conejos alta y baja GIM.

MATERIAL Y MÉTODOS

Los caracteres estudiados fueron GIM, ácidos grasos saturados; SFA (C14:0, C16:0 y C18:0), ácidos grasos monoinsaturados; MUFA (C16:1n-7 y C18:1n-9), ácidos grasos poliinsaturados; PUFA (C18:2n-6, C18:3n-3 y C20:4n-6), MUFA / SFA y PUFA / SFA. Antes de realizar el análisis de asociación del genoma completo (GWAS), se evaluó la importancia de los EGM a través del ajuste de modelos animales clásicos incluyendo EGM. Para ello se utilizó datos de conejos las 9 generaciones de selección divergente por GIM (2240 datos y 3676 individuos en la genealogía). Posteriormente, se llevó a cabo los GWAS maternos con un modelo de regresión de marcadores múltiples bayesianos (BayesB) en el que se incluyeron 349 animales de la 9ª generación y 76 hembras de la 8ª y 88512 SNP después del control de calidad.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las regiones genómicas asociadas relevantes se localizaron en los cromosomas de conejo (OCU) OCU1, OCU5, OCU19 y OCU20. Estas regiones explicaron alrededor del 1,2 al 13,9% de la varianza genómica total de los caracteres estudiados. El valor más alto se observó en tres ventanas genómicas consecutivas en OCU1 (13,9%) para la relación PUFA / SFA seguido de C16:0 (12,2%) y C16:1n-7 (9,9%). Los genes identificados ubicados en las regiones genómicas asociadas (FTO, RPGRIP1L, SH3GL2, CNTLN, TANC2, ACE, MAP3K3, TEX2 y PRKCA) presentaron funciones biológicas relacionadas con la proliferación de células grasas, regulación de la diferenciación de células grasas, regulación de la ingesta de alimento / apetito y homeostasis energética, regulación del almacenamiento de lípidos y composición de la grasa de la leche, así como relacionadas con la unión de lípidos.

CONCLUSIÓN

Este es el primer estudio en conejos que evalúa la importancia de los efectos genéticos maternos e identifica regiones genómicas maternas asociadas con la GIM y su composición de ácidos grasos. Los resultados revelaron que el efecto genético materno no es despreciable para GIM y sus ácidos grasos e identificó genes candidatos que podrían explicar estos efectos.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Martínez-Álvaro, M., Blasco, A. & Hernández, P. 2018. *Animal*. 12(10): 2002-8.

Agradecimientos: Este estudio ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (MIC)-Agencia Estatal de Investigación (AEI) y el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) con el proyecto AGL2017-86083-C2-1-P