

EXPRESIÓN GÉNICA DE LOS RECEPTORES DEL GUSTO EN CERDOS IBÉRICOS Y DUROC ALIMENTADOS CON DISTINTAS FUENTES DE ENERGÍA

Benítez¹, R., Núñez¹, Y., García¹, F., De Mercado³, E., Gómez-Izquierdo³, E., García-Casco¹, J., López-Bote², C. y Óvilo¹, C.

¹ Dpto. de Mejora Genética Animal, INIA, Ctra. Coruña, km 7,5, Madrid. ² Dpto. Producción Animal, UCM. Ciudad Universitaria, s/n, Madrid. ³ Centro de pruebas de porcino ITACYL (Hontalbilla), Segovia; rmbenitez@inia.es

INTRODUCCIÓN

Los receptores del gusto y sus genes se expresan en células sensoriales localizadas en las papilas gustativas de la lengua. En el cerdo, estos genes forman parte de dos familias: la familia *Tas1r* (responsable de la percepción del sabor dulce y umami) y la familia *Tas2r* (responsable del sabor amargo); además existen otros genes receptores de aminoácidos, peptonas y ácidos grasos (AG) (Bachmanov & Beauchamp, 2007). La percepción del gusto está relacionada con el consumo de alimentos y puede diferir entre razas de animales que muestren diferencias de apetito. El estudio de la expresión de los genes codificantes para receptores del gusto podría contribuir al conocimiento de la base genética de la ingesta voluntaria de alimento, carácter de interés en muchas especies ganaderas. El objetivo de este trabajo ha sido estudiar la expresión de un panel de genes receptores del gusto mediante PCR cuantitativa en las papilas gustativas de cerdos ibéricos y duroc en crecimiento y alimentados con dietas de distinta fuente de energía.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron 30 machos Ibéricos Torbiscal y 19 machos Duroc, mantenidos en condiciones idénticas de manejo, excepto el tratamiento nutricional basado en el empleo de dos dietas isoproteicas e isoenergéticas que incorporaban carbohidratos (CH, n=22), o aceite de girasol alto oleico 6% (HO, n=27). Los animales se sacrificaron después de 47 días de tratamiento con 51,2 kg de peso medio. Se extrajo ARN total de las papilas circunvaladas y se cuantificó la expresión de 10 genes (*TAS1R1*, *TAS1R2*, *TAS1R3*, *TAS2R4*, *TAS2R38*, *TAS2R39*, *GPR40*, *GPR84*, *GPR120* y *CD36*) mediante PCR cuantitativa. La influencia de la dieta y la raza sobre la expresión génica se analizó con un modelo lineal ajustando la raza y la dieta como efectos fijos, y la camada y el box como efectos aleatorios. Los análisis se realizaron utilizando el procedimiento MIXED de SAS 9.4.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los genes *TAS1R1*, *TAS1R2* y *TAS1R3* (relacionados con el sabor dulce y umami), *TAS2R4*, *TAS2R38* y *TAS2R39* (relacionados con el sabor amargo), *GPR84* y *CD36* (receptores de AG) se sobreexpresaron de forma significativa ($p < 0,05$) en la raza duroc y el gen *GRP40* (receptor de AG; $p=0,07$) mostró una tendencia en el mismo sentido. Solo el gen *GPR120* (receptor de AG) se sobreexpresó en la raza ibérica aunque de forma sugestiva ($p=0,06$). El efecto de la dieta fue menor al de la raza y solo fue significativo para el gen *TAS1R3* ($p=0,05$) y se observó una tendencia en los genes *TAS1R1*, *GPR40* y *GPR120* ($p=0,1$) mostrando todos ellos mayor expresión en la dieta de alto oleico.

CONCLUSIÓN

Todos los genes analizados mostraron una expresión diferente entre las dos razas aunque se vieron poco afectados en su expresión por el efecto de la dieta. Es interesante resaltar que aunque los genes estudiados son responsables de la percepción de distintos sabores, prácticamente todos ellos se regularon a favor de la raza duroc, que además presentó un menor consumo de alimentos (Benítez *et al.*, 2018). A la vista de estos resultados sería interesante buscar variantes estructurales en regiones reguladoras de estos genes que pudieran asociarse con las diferencias de expresión encontradas y con el fenotipo de estos animales, así como la predicción o identificación de factores de transcripción que pudieran ser responsables de la regulación conjunta de estas diferencias de expresión.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Bachmanov, A.A. & Beauchamp, G.K. 2007. Annu. Rev. Nutr. 27: 389-414. • Benítez, R. *et al.* 2018. Int. J. Mol. Sci. 19(1): 22.

Agradecimientos: Trabajo financiado con los proyectos S2013/ABI-2913, MEDGAN-CM y PID2019-10869SRB-C31.