

IDENTIFICACIÓN DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESADOS EN MÚSCULO DE CERDOS EXTREMOS PARA LA RATIO INTRAMUSCULAR ENTRE LOS ÁCIDOS GRASOS OLEICO Y ESTEÁRICO

Valdés-Hernández^{1,2}, J., Criado-Mesas¹, L., Castelló^{1,2}, A., Sánchez^{1,2}, A. y Folch^{1,2}, J.M.

¹Plant and Animal Genomics, Centre de Recerca en Agrigenòmica (CRAG), Consorcio CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus UAB, Bellaterra, España. ²Departamento de Ciencia Animal y de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, (UAB), Bellaterra, España.; jesusvaldeshernandez@yahoo.com

INTRODUCCIÓN

La ratio C18:1(n-9)/C18:0 (Oleico/Estearico, OL/ES) se ha utilizado para inferir los niveles de desaturación de la grasa intramuscular en cerdos (Estany *et al.*, 2014; Benítez *et al.*, 2015). El SCD es una enzima ratio-limitante que cataliza la $\Delta 9$ -desaturación de C18:0 en C18:1n-9 y de 16:0 en 16:1n-7 (Guillou *et al.*, 2010). Estany *et al.* (2014) propusieron un polimorfismo en la región del promotor de *SCD* (rs80912566) como mutación causal en cerdos Duroc que explica parcialmente la varianza genética de ratios de desaturación en músculo (incluidos: OL/ES y MUFA/SFA). Además, este SNP se asoció con una mayor expresión del gen *SCD* (Estany *et al.*, 2014). El objetivo del presente trabajo fue identificar genes diferencialmente expresados entre animales con fenotipos extremos para la ratio intramuscular de OL/ES y estudiar los genes que modulan la variación de la composición relativa de los ácidos grasos oleico y esteárico en músculo.

MATERIAL Y MÉTODOS

En un total de 132 cerdos (25% ibérico y 75% Duroc: BC1_DU) se determinó el perfil de ácidos grasos (AG) en el músculo longissimus dorsi (LD) mediante cromatografía de gases de ésteres metílicos. Para la ratio OL/ES, se seleccionaron 32 animales extremos (16 con alta proporción: A y 16 con baja proporción: B). La secuenciación del ARN usando un equipo Hi-Seq 4000 de Illumina y el alineamiento de las secuencias con el genoma de referencia porcino Sscrofa11.1 se realizó en el CNAG. Posteriormente, el paquete DESeq2 de R se usó para identificar genes diferencialmente expresados (GDEs) entre grupos (P-ajustado < 0.1, FC \geq 1.2). El modelo estadístico fue corregido por sexo y lote. Los datos de RNA-Seq fueron validados vía RT-qPCR seleccionando 2 GDEs: *SCD* y *PPARG*, para los que se disponía de datos de expresión generados con Fluidigm (Criado-Mesas *et al.*, 2020). Las diferencias de expresión de *SCD* y *PPARG* entre los grupos A y B fueron analizadas con un t-test (P < 0.05). Los valores de expresión de RNA-Seq y qPCR fueron normalizados vía log2CPM y log2NQ, respectivamente. Mientras que la correlación de Pearson (P < 0.05) fue calculada entre ambos sets de datos vía cor.test.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los grupos mostraron diferencias significativas en la ratio OL/ES (3.06%-A vs 1.99%-B, P = 1.542E-06) con un coeficiente de variación de 22.64%. Se identificaron un total de 69 GDEs, entre ellos *PLIN1*, *SCD*, *GOT1* y *SDR16C5* han sido detectados en el transcriptoma de músculo de animales extremos BC1_LD según perfil intramuscular de AG (Puig-Oliveras *et al.*, 2014). Otros genes interesantes fueron: *ACAD10*, *LEP*, *NGFR* y *PPARG* (metabolismo lipídico) y *MDFIC* y *MDH1* (calidad de la carne). En la validación mediante qPCR, también se observaron diferencias significativas (P < 0.05) en los niveles medios de expresión de *PPARG* y *SCD* entre A y B. Para los dos genes, se obtuvo una alta correlación entre los niveles de expresión medidos por RNA-Seq y qPCR ($R_{SCD-SCD} = 0.87$, P = 2.992E-10; $R_{PPARG-PPARG} = 0.72$, P = 4.961E-06). *PPARG* es un factor de transcripción con sitios de unión en el promotor de *SCD* (Estany *et al.*, 2014). Mientras que los valores de expresión de *PPARG* correlacionan con los de *SCD* (R = 0.70, P < 2.2E-16) en músculo LD via datos de qPCR (Criado-Mesas *et al.*, 2020).

CONCLUSIÓN

Se identificó un panel de 69 genes expresados diferencialmente entre animales extremos para la ratio oleico/esteárico, cuyo estudio ayudará a comprender la regulación genética de la desaturación de los ácidos grasos en el músculo porcino.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICA

- Guillou, H. *et al.* 2010. Progress in Lipid Research 49(2): 186–99
- Estany, J. *et al.* 2014. PLoS ONE 9(1): e86177
- Puig-Oliveras, A. *et al.* 2014. PLoS ONE 9(6): e99720
- Benítez, R. *et al.* 2015. Meat Science 102: 59–68
- Criado-Mesas, L. *et al.* 2020. Scientific Reports 10(1): 9845.

Agradecimientos: Proyecto MINECO “AGL2017-82641-R” y por las becas FI-AGAUR (Generalidad de