

Identificación de genes reguladores de la composición intramuscular de ácidos grasos en porcino mediante el análisis del transcriptoma

J. Valdés-Hernández^{1,2}, Y. Ramayo-Caldas³, L. Criado-Mesas¹, A. Castelló^{1,2}, C. Sebastià^{1,2}, M. Passols¹, A. Sanchez^{1,2} & J.M. Folch^{1,2}

¹Plant and Animal Genomics, Centre de Recerca en Agrigenòmica (CRAG), Consorci CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus UAB, Bellaterra, España

jesus.valdes@cragenomica.es (Corresponding Author)

²Departamento de Ciencia Animal y de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Autónoma de Barcelona (UAB), Bellaterra, España

³Departament de Genètica i Millora Animal, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), Torre Marimon, Caldes de Montbui, Barcelona, España

Summary

El contenido y la composición intramuscular de ácidos grasos (AGs) son algunos de los parámetros que afectan a la calidad de la carne, influyendo sobre sus características organolépticas y su valor nutricional. La expresión génica en músculo puede modular la composición intramuscular de AGs. En este trabajo se explora la relación entre el perfil de AGs y el transcriptoma del músculo en cerdos, con el objetivo de identificar genes reguladores y vías metabólicas relacionadas con la composición intramuscular de AGs. En el músculo *longissimus dorsi* de 129 cerdos (25% ibérico y 75% Duroc: BC1_DU) se determinó la composición relativa de AGs mediante cromatografía de gases de ésteres metílicos, así como la expresión génica mediante RNA-Seq. Las secuencias obtenidas fueron alineadas sobre el genoma de referencia porcino Sscrofa11.1. Se cuantificó la actividad de 12.381 genes cuya expresión fue normalizada mediante log₂CPM. Se implementó un *Regularized Canonical Correlation Analysis* (rCCA) con el propósito de identificar subconjuntos de variables canónicas que maximizan la correlación entre la composición de AGs (15 AGs) y la expresión génica (12,381 genes). Sobre el primer componente canónico (CC1), se seleccionaron genes cuya correlación con los AGs fuese > 0,29, observándose 13 AGs correlacionados con 365 genes. Principalmente, el CC1 separa los AGs saturados (SFA: C14:0, C16:0) y los AGs monoinsaturados (MUFA: C18:1n-9) de los AGs poliinsaturados (PUFA: C18:3n-3, C18:2n-6, C20:2n-6, C20:3n-3, C20:3n-6 y C20:4n-6), mientras que el CC2 diferencia entre MUFA (C16:1n-7 del C18:1n-9) y SFA (C18:0). El análisis funcional de los genes identificó 56 GO terms sobrerrepresentados significativamente (*P*-valor por *Benjamini* y *Hochberg* < 0,05), por ejemplo: “*Citrate cycle (or TCA cycle)*, *insulin signaling pathway* y *regulation of lipolysis in adipocytes*”. Entre los 365 genes, se identificaron 116 genes del metabolismo de lípidos y carbohidratos, por ejemplo: *PLIN1*, *LEP*, *SFRP5*, *TFRC*, *SDR16C5*, *G0S2*, *CYCS*, *GOT1*, *MDH1*, *HMGCR*, *ELOVL6*, *ADIPOQ*, *CEBPA*, *SDHD*, *CYP4B1*, *PPP1R1B*, *LGALS12*, *LPIN1*, *TADA2A* y *CARHSP1*; así como 22 factores de transcripción. A partir de los resultados del rCCA se realizó un análisis de *Regulatory Impact Factors* (RIF) para identificar reguladores asociados a la expresión de los genes previamente identificados. El resultado de las métricas RIF1 y RIF2 sugirió que los factores de transcripción *CARHSP1* y *TADA2A* son reguladores de la expresión génica en músculo y, consecuentemente, afectan al metabolismo de los AGs.

Keywords: metabolismo lipídico, expresión génica, análisis multivariados integrativos