

Metaboloma del plasma de dos líneas de conejos divergentemente seleccionadas por grasa intramuscular

Zubiri-Gaitán, A.¹, Blasco, A.¹ & Hernández, P.¹

¹Instituto de Ciencia y Tecnología Animal, Universitat Politècnica de València, 46022. Valencia, España

Resumen

Se desarrolló un experimento de selección divergente por grasa intramuscular (GIM) en conejos en la Universitat Politècnica de València, originando una línea de alto contenido de GIM (GA) y una de bajo contenido de GIM (GB). El objetivo de este trabajo fue estudiar las rutas metabólicas implicadas en la deposición de grasa de las líneas, mediante el análisis del metaboloma plasmático.

Se utilizaron 48 conejos de la 9ª generación, 24 de cada línea. Se obtuvieron muestras de plasma a las 9 semanas de edad. Se analizó el metaboloma mediante cromatografía líquida de ultra-performance acoplado a espectroscopía de masas en tándem. Se utilizaron 4 métodos de elución para la captación de metabolitos de diversa naturaleza química. Se detectaron 997 metabolitos, y se eliminaron aquellos que contenían más de 10 ceros. Los ceros restantes se imputaron utilizando random forest. Se aplicó la transformación log-ratio aditiva. Para ello, se eligió como metabolito de referencia aquel que maximizara la correlación Procrustes con la geometría de todos los pares de log-ratios, y que tuviera mínima varianza. Los metabolitos con diferencias entre líneas se identificaron utilizando análisis discriminante de mínimos cuadrados parciales (PLS-DA).

Las principales rutas metabólicas que difirieron entre líneas fueron el metabolismo de los lípidos, de los azúcares y, en menor medida, de los aminoácidos. También, se encontraron diferencias relevantes en metabolitos relacionados con el metabolismo del microbioma intestinal. Los ácidos grasos saturados e insaturados de cadena larga (> C14), y otros derivados, fueron más abundantes en la línea GB. A su vez, se encontró mayor concentración de carnitina en la línea GA, aminoácido responsable de transportar ácidos grasos de cadena larga al interior de las mitocondrias. Estos resultados concuerdan con estudios previos donde se evidenciaba una menor captación de lípidos en el músculo de la línea GB, aumentando su concentración de triglicéridos y colesterol en plasma. Por otra parte, los metabolitos de la ruta de los azúcares fueron más abundantes en la línea GB. La línea GA presentó más piruvato y metabolitos del ciclo del ácido cítrico, lo que podría sugerir una diferencia entre las líneas en los mecanismos de utilización de la glucosa. Asimismo, se observaron diferencias entre líneas en el metabolismo de las proteínas. Se encontró mayor concentración de urea en el plasma de la línea GA. Además, en un estudio reciente de la composición de la leche también se observó la misma relación. Por último, se encontró mayor concentración en la línea GA de metabolitos derivados del metabolismo del microbioma intestinal (ácidos grasos aromáticos, benzoato, etc). Esto evidencia la importancia del microbioma intestinal en la deposición de grasa de estas líneas.

En este estudio se pone de manifiesto que la selección por GIM afectó a la concentración de metabolitos del plasma, principalmente metabolitos relacionados con el metabolismo de lípidos, azúcares y del microbioma intestinal.

Palabras clave: metaboloma, selección divergente, grasa intramuscular