IMPACTO DE UNA RESTRICCIÓN PROTEICA EN CORDERAS DE REPOSICIÓN PREPUBERALES SOBRE EL TRANSCRIPTOMA HEPÁTICO DE SUS CRÍAS: UN ENFOQUE DE BIOLOGÍA DE SISTEMAS

Vrcan[1*], M., Suárez-Vega[1], A., Fonseca[1,2], P.A.S., Pelayo[1], R., Arranz[1], J.J., Gutiérrez-Gil[1], B.
[1]Facultad de Veterinaria, Campus de Vegazana, 24007 León. [2]Instituto de Ganadería de Montaña (CSIC-Univ. de León), Finca Marzanas, Grulleros, 24346 León.
*mvrc@unileon.es

INTRODUCCIÓN

El contenido en proteína de la dieta durante el crecimiento es crucial para que los animales alcancen su potencial genético, pero su costo y disponibilidad representan un desafío creciente para la ganadería sostenible. Las restricciones nutricionales-pueden producir modificaciones epigenéticas que afectan la productividad y la salud del ganado, con posibles implicaciones intergeneracionales (Wang & Ibeagha-Awemu, 2021). En este contexto, el objetivo del presente estudio fue evaluar el posible impacto de una restricción proteica aplicada a corderas prepuberales sobre el transcriptoma hepático de sus crías.

MATERIAL Y MÉTODOS

Este estudio analizó el transcriptoma del hígado en 16 corderos lechales nacidos de madres primerizas que habían sido sometidas a una restricción proteica durante el periodo prepuberal (3-5 meses de edad). Antes y después de este periodo todas las ovejas recibieron la misma dieta. La mitad de los corderos eran hijos de madres alimentadas con la dieta estándar (C) y la otra mitad de hembras que habían sido sometidas a la restricción proteica (MNPR, de *maternal nutrient protein restriction).* El ARN se extrajo del tejido hepático utilizando Trizol (Invitrogen, CA, EEUU) y la secuenciación de las muestras se realizó en un secuenciador Illumina NovaSeq 6000. Los datos de RNA-Seq se procesaron según el flujo de análisis descrito por Alonso-García et al. (2023). Posteriormente, utilizando un enfoque de biología de sistemas, se realizó un análisis de preservación dentro del marco del Análisis de Redes de Coexpresión Génica Ponderada (WGCNA) (Langfelder & Horvath, 2008). Para ello, se construyeron redes de coexpresión génica para los grupos C y MNPR y se identificaron módulos de genes coexpresados. Se realizó un análisis de preservación para evaluar la estabilidad de los patrones de coexpresión, utilizando la red del grupo C como referencia y el grupo MNPR como prueba, basado en las estadísticas Zsummary y medianRank. Los módulos que exhibieron los patrones de coexpresión menos perservados dentro de la red MNPR fueron sometidos a un análisis de enriquecimiento funcional mediante el software ToppGene (Chen et al., 2009), considerando tres categorías de Gene Ontology: Proceso Biológico (GO:BP), Función Molecular (GO:MF) y Componente Celular (GO:CC) .

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De los 47 módulos identificados en el grupo C, dos módulos fueron considerados como los menos perservados en la red MNPR: *magenta* (259 genes, $Z_{summary}$ = 0.15, medianRank = 44) y *purple* (253 genes, $Z_{summary}$ = 0.18; medianRank = 41). El análisis de enriquecimiento de estos módulos destacó funciones moleculares involucradas en la homeostasis energética celular, la actividad enzimática y la transducción de señales, con la mitocondria como un centro clave que conecta estas vías. Curiosamente, estos procesos están fuertemente influenciados por el estrés oxidativo o el estrés del retículo endoplásmico, los cuales están interconectados y pueden afectar los mecanismos epigenéticos del transcriptoma hepático a través de múltiples vías relacionadas con el metabolismo graso (Esfandiari et al., 2010; Hong et al., 2024).

CONCLUSIÓN

Estos resultados sugieren que una restricción proteica en ovejas de reposición puede afectar el metabolismo hepático de sus crías, lo que puede ser de interés para optimizar estrategias de manejo.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Chen, J. et al. 2009. Nucleic Acids Res. 37: W305-W311. • Esfandiari, F. et al. 2010. Hepatology. 51: 932. • Feeney, A. et al. 2014. J Anim. Sci. Biotechnol.. 5: 48. • Hong, S.H. et al. 2024. Chem. Biol. Interact. 398: 111093. • Kim, S.W. et al. 2019. Annu. Rev. Anim. Biosci.. 7: 221-243. • Langfelder, P. & Horvath, S. 2008. BMC Bioinformatics. 9: 1-13. • Wang, M. & Ibeagha-Awemu, E.M. 2021. Front Genet. 11: 613636. • Alonso-García, M. et al. 2023. Front. Vet. Sci. 10: 1150996.

Agradecimientos: Estudio incluido en el proyecto QualityLamb, financiado por la Junta de Castilla y León (Ref. LE084P23). Vrcan, M. disfruta de una beca predoctoral de la Universidad de León (c.2022).