

ANÁLISIS DEL METATRANSCRIPTOMA INTESTINAL PORCINO Y DE LOS GENES INVOLUCRADOS EN EL METABOLISMO DE ÁCIDOS GRASOS VOLÁTILES

Sebastià^{1,2}, C., Crespo-Piazuelo³, D., Ballester³, M., Passols¹, M., Criado-Mesas¹, L., Castelló^{1,2}, A., Fernández⁴, A.I., 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, Universidad Autónoma de Barcelona (UAB), Bellaterra, España. ³Departamento de Genética y Mejora Animal, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentària (IRTA), Torre Marimon, Caldes de Montbui, España. ⁴Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Madrid, España; cristina.sebastia@cragenomica.es

INTRODUCCIÓN

El microbioma intestinal participa en diferentes procesos metabólicos clave del hospedador (Clemente *et al.*, 2012). Mediante el estudio de los genes que expresan el conjunto de microorganismos de este microbioma, la metatranscriptómica permite analizar la actividad e influencia de los mismos (Gosalbes *et al.*, 2011). Entre sus muchas funciones, algunos microorganismos intestinales están involucrados en la producción de ácidos grasos volátiles (AGV), cuya participación en diferentes rutas metabólicas puede afectar al hospedador y su rendimiento productivo (Chambers *et al.*, 2018). El objetivo de este estudio consiste en analizar los genes que están diferencialmente expresados en el microbioma intestinal de cerdos con fenotipos extremos para la abundancia de los AGV.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se tomaron muestras del contenido rectal de 288 animales de una población comercial cruce de cerdo Ibérico × Duroc. A partir de estas, se seleccionaron 24 individuos según su metagenoma y la abundancia de AGV, valorada mediante cromatografía de gases. Se extrajo el ARN del contenido rectal con el kit Macherey-Nagel NucleoSpin RNA stool y se secuenció con un equipo Illumina NextSeq High Output kit (2 × 150 pb). Se filtraron las secuencias con un Phred score de 33 y se estableció una longitud mínima de 70 pb. Posteriormente se usó el programa informático SAMSA v2.2.0 (Westreich *et al.*, 2018) para obtener el metatranscriptoma de cada individuo. Para el estudio de la expresión diferencial de los genes relacionados con la producción de AGV, se escogieron los animales con fenotipos extremos para la abundancia de acético (alto N=5; bajo N=5), propiónico (alto N=3; bajo N=4) y butírico (alto N=5; bajo N=3) y se analizaron mediante el programa DESeq2 (Love *et al.*, 2014), considerándose significativos aquellos con un fold change > 1,5 y un padj < 0,05.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el contenido rectal de los 24 animales secuenciados, se identificó la expresión de 5.840 genes, de los cuales 66 pertenecían a la vía metabólica de los ácidos grasos. En las muestras con abundancias extremas para el ácido acético, siete genes mostraron expresión diferencial. Para el ácido propiónico, la cantidad de genes expresados diferencialmente fue de 117, mientras que en el caso del ácido butírico solo se encontraron tres genes. No todos los genes identificados como diferencialmente expresados intervenían en la producción de AGV, indicando que otras rutas metabólicas también podrían estar regulando la producción intestinal de los AGV de forma indirecta.

CONCLUSIÓN

Se han identificado genes del microbioma intestinal que se expresan diferencialmente entre animales con fenotipos extremos para la producción de ácido acético, propiónico y butírico. El estudio de estos genes permitirá evaluar los microorganismos que los expresan y, mediante su selección, modular la producción de AGV en los animales.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Chambers, E.S. *et al.* 2018. *Curr Nutr Rep.* 7: 198-206. • Clemente, J.C. *et al.* 2012. *Cell.* 148: 1258-1270. • Gosalbes, M.J. *et al.* 2011. *PLoS ONE.* 6: 1-11 • Love, M.I. *et al.* 2014. *Genome Bio.* 15: 550. • Westreich, S.T. *et al.* 2018. *BMC Bioinformatics.* 19: 175.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto MINECO AGL2017-82641-R. C. Sebastià fue financiada con una beca FI-DGR (Generalitat de Catalunya) y M. Passols y L. Criado-Mesas con becas FPI (MINECO).