

ANÁLISIS DEL TRANSCRIPTOMA DE LONGISSIMUS DORSI DE IBÉRICOS DE MONTANERA DIVERGENTES PARA EL CONTENIDO EN MIOGLOBINA

Fernández-Barroso¹, M.A., Muñoz², M., García², F., Núñez², Y., Matos-Moreno³, G.,
Ramírez-Hidalgo³, L. y García-Casco¹, J.

¹Centro de I+D en Cerdo Ibérico, INIA, Crta. EX101 km 4,7. 06300 Zafra, Badajoz. ²Departamento de Mejora Genética Animal, INIA, Crta. Coruña, km 7. 28040, Madrid. ³Sánchez Romero Carvajal Jabugo S.A. Ctra. San Juan del Puerto, 21290 Jabugo, Huelva; mariamm@inia.es

INTRODUCCIÓN

El color de la carne está considerado uno de los caracteres de calidad de carne más importantes, siendo el primer atributo en percibirse y que tiene una influencia clara en la decisión del consumidor (Mancini y Hunt, 2005). El principal pigmento que se encuentra en la carne es la mioglobina y está relacionada con su color rojo (Suman y Poulson, 2013). La determinación del contenido en mioglobina no es una técnica sencilla por lo que el uso de información molecular sería recomendable para la posible inclusión de este carácter en un esquema de selección de cerdo Ibérico. Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo fue analizar el transcriptoma del músculo longissimus dorsi (LD) en cerdos Ibéricos divergentes para el contenido en mioglobina y analizar qué procesos y rutas biológicas se ven alterados por la expresión diferencial en función del contenido en mioglobina.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se sacrificaron un total de 828 machos castrados ibéricos con un peso medio de 165 kg y se recogieron sus LD después del sacrificio. Se determinó el contenido en mioglobina en una muestra de LD mediante el método descrito por Horsney (1956) y en otra, se extrajo el ARN. Posteriormente se estimaron los valores aditivos del contenido en mioglobina con el siguiente modelo: $y = Xb + Za + Wsm + e$; incluyendo en **b** los efectos sistemáticos (grasa intramuscular, edad y peso de lomo) y en **sm**, los efectos aleatorios combinados del lote de montanera. A continuación, se eligieron 6 muestras con alto valor aditivo (ALTO) y 6 con bajo valor aditivo (BAJO) para el contenido en mioglobina.

El ARN total fue extraído de estas 12 muestras de LD. Las librerías pareadas se prepararon con el kit NEBNext® Ultra™ y se secuenciaron cuatro muestras por carril en un secuenciador Novaseq 6000 (Illumina, Inc, San Diego, CA, USA). La calidad de las secuencias se evaluó con el programa FastQC y filtraron con TrimGalore. El análisis posterior se llevó a cabo con el protocolo Hisat2-HTseq-counts-DESeq2, mapeando las lecturas contra la versión del genoma porcino Sscrofa11.1. Con los genes diferencialmente expresados entre los grupos se hizo un análisis de sobrerepresentación funcional con FatiGO y se analizaron las potenciales interacciones de las proteínas codificadas por los genes diferencialmente expresados con la herramienta STRING.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La media global del contenido en mioglobina fue igual a 1,77 mg/g (SD = 0,31). Las medias de los valores aditivos del grupo ALTO y del grupo BAJO fueron 0.18 (SD = 0,02) y -0.20 (SD = 0,04), respectivamente. Todas las muestras pasaron el control de calidad y mapearon más del 90% de las mismas. Se consideraron como diferencialmente expresados aquellos genes con un log₂ fold change mayor que 1 o menor que -1 y un p-value-ajustado < 0.10. Un total de 54 genes estaban sobreexpresados en el grupo de ALTO y cuatro en el de BAJO.

Los resultados del análisis de sobrerepresentación funcional revelaron una serie de procesos biológicos implicados el desarrollo del tejido conectivo, transporte de ácido monocarboxílico, regulación del transporte de iones, proliferación de células T y regulación de la secreción de prostaglandinas, entre otros. El análisis de interacción entre proteínas reveló cuatro clusters diferenciados.

CONCLUSIÓN

El presente estudio permitió detectar genes candidatos potenciales para el contenido en mioglobina que se estudiarán para su posible inclusión en el programa de selección de cerdo Ibérico para calidad de carne.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Hornsey, H.C. 1956. Journal Sci. Food and Agric. 7: 534–541.
- Mancini, R.A. 2005. Meat Sci. 71: 100–21.
- Suman, S.P. & Poulson, J. 2013. Annu. Rev. Food Sci. Technol. 4: 79–99.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el Proyecto CON15-078 entre INIA y SRC Jabugo S.A.