



Alliance

(<https://www.aquaculturealliance.org>)



Intelligence

Composición de ácidos grasos omega-3 de filetes de salmón del Atlántico

Monday, 23 March 2020

By Siri S. Horn , Bente Ruyter, Ph.D. , Prof. Theo H.E. Meuwissen , Hooman Moghadam, Ph.D. , Borghild Hillestad, Ph.D. and Anna K. Sonesson, Ph.D.

Estudio de asociación de genoma identifica variantes genéticas



Un estudio de GWAS en busca de variantes genéticas asociadas con el contenido de ácidos grasos omega-3 de cadena larga en el músculo del salmón del Atlántico identificó marcadores, y sugirió que la variación genética que afecta el contenido de EPA y DHA del filete está presente en el cromosoma 21 del salmón del Atlántico. Foto de Darryl Jory.

El salmón del Atlántico (*Salmo salar*) es una importante especie de pez de cultivo, conocida por su alto contenido en su músculo de ácidos grasos poliinsaturados omega-3 de cadena larga (omega-3 LC PUFA) que promueven la salud, el ácido eicosapentaenoico (EPA; 20: 5 omega-3) y el ácido docosahexaenoico (DHA; 22: 6 omega-3). Los niveles de omega-3 LC PUFA han disminuido significativamente en las últimas décadas debido a la sustitución de una gran porción de ingredientes marinos con ingredientes vegetales más sostenibles en la dieta del salmón Atlántico cultivado. Análisis genéticos cuantitativos han estimado parámetros genéticos de los ácidos grasos omega-3 del salmón del Atlántico, y mostrado el potencial de la cría selectiva para aumentar los niveles de omega-3 LC PUFA en los filetes de salmón, ya que son rasgos heredables.

Varios estudios han observado una mayor deposición selectiva de DHA en el músculo en comparación con otros ácidos grasos de la dieta. El EPA, por otro lado, parece ser metabolizado en mayor medida que el DHA en el músculo. Un estudio reciente del salmón del Atlántico realizado por nuestro grupo encontró que el contenido muscular de EPA se asoció negativamente con la expresión de genes involucrados en el catabolismo de los lípidos e hipotetizó que las diferencias individuales en el contenido de EPA son causadas por la oxidación selectiva de ácidos grasos (FA). Sin embargo, existe un conocimiento limitado sobre qué genes y vías metabólicas son más importantes para determinar el contenido de EPA y DHA en el músculo del salmón del Atlántico.

Los estudios de asociación de todo el genoma (GWAS) son una herramienta poderosa que puede identificar los polimorfismos de un solo nucleótido [SNP, por sus siglas en inglés – una sustitución de un solo nucleótido (los componentes básicos de ADN y ARN) que se produce en una posición específica en el genoma (conjunto completo de ADN de cualquier organismo)] vinculado a genes asociados con rasgos fenotípicos (observables). Se han realizado GWAS de composición de FA musculares en bovinos y cerdos, donde se han identificado varias regiones y loci significativamente asociados. En peces, un estudio en lubina asiática (o barramundi, *Lates calcarifer*) mostró la complejidad de la arquitectura genética de los FA en los peces.

Para aumentar la comprensión de la genética del contenido de omega-3 LC PUFA muscular en el salmón del Atlántico, GWAS es un enfoque relevante que aún no se ha explorado en el salmón del Atlántico. Este artículo, adaptado y resumido de la **publicación original** (<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2019.734494>) [Horn S.S. et al. 2020. GWAS identifica las variantes genéticas asociadas con la composición de ácidos grasos omega-3 de los filetes de salmón del Atlántico.] – reporta sobre un estudio para identificar variantes genéticas asociadas con el contenido de ácidos grasos omega-3 de cadena larga en el músculo del salmón del Atlántico, mediante la realización de un estudio de asociación de todo el genoma (GWAS).

Configuración del estudio

Un total de 642 peces de 92 machos y 194 hembras se incluyeron en el análisis. Todos los machos tuvieron cuatro o más descendientes de más de una hembra. Los peces se originaron de una población [de una clase anual] reproductora de salmón del Atlántico de **SalmoBreed AS** (<https://salmobreed.no/en/>). Los peces se transfirieron al mar con un peso medio de 0.1 kg y se sacrificaron aproximadamente 12 meses después, con un peso medio de 3.6 kg (con un rango de 1.2 a 6.4 kg). Los peces fueron alimentados con un alimento comercial de reproductores de **Skretting** (<https://www.skretting.com/en/products/atlantic-salmon/?lifephase=474980>), que contenía 70 por ciento de aceite de pescado y 3.1 por ciento de EPA y DHA.

Todos los peces fueron criados en las mismas condiciones y fueron puestos en ayuno de 13 a 14 días antes del sacrificio. Después del sacrificio, se determinó visualmente el sexo mediante la inspección de las gónadas, se registró el peso corporal y se tomaron muestras de músculo esquelético para análisis de lípidos y FA de Norwegian Quality Cut; las muestras se recogieron, congelaron y almacenaron a -20 grados-C para diversos análisis. Para obtener

información detallada sobre la población y los récords de los peces, análisis de grasa muscular y ácidos grasos, genotipos y análisis estadísticos, consulte la publicación original. Este trabajo fue apoyado por el consejo de investigación noruego (número de subvención NFR 244200).

Resultados y discusión

En este estudio, el GWAS se realizó en 642 salmones del Atlántico del talla para beneficiamiento que mostraban variaciones en el contenido de EPA y DHA. Se analizaron varios rasgos, y la mayoría de los rasgos no mostraron valores significativos de probabilidad (valores p) de todo el genoma. Las excepciones fueron la relación DHA / ALA [ácido α -linolénico] y la relación DHA / DPA [ácido docosapentaenoico]. Por lo tanto, nuestro enfoque estaba en estos dos rasgos, además de los principales PUFA LC omega-3: DHA y EPA.

La Tabla 1 muestra estadísticas descriptivas para estos rasgos. El contenido medio de EPA y DHA fue de 5.42 y 6.75 por ciento del total de FA muscular, respectivamente. El contenido de EPA mostró una variación mucho mayor y una heredabilidad más baja [una estadística utilizada en reproducción y genética para estimar el grado de variación en un rasgo fenotípico en una población que se debe a la variación genética entre individuos en esa población] en comparación con el DHA. Los rasgos de relación tenían estimaciones de heredabilidad genómica ligeramente.

Horn, omega-3, Tabla 1

Trait	Media (SD)	Min	Max	CV	h ² (SE)
Ácidos grasos ^{^*}					
EPA 20:5n-3	5.29 (1.21)	2.06	9.45	22.94	0.05 (0.04)
DHA 22:6n-3	6.51 (1.16)	1.4	9.1	17.87	0.23 (0.07)
Ratios					
Ratio DHA/ALA	1.94 (0.27)	0.91	3.1	13.95	0.28 (0.07)
Ratio DHA/DPA	2.87 (0.30)	1.94	4.25	10.57	0.21 (0.06)

Tabla 1. Estadísticas descriptivas para los rasgos de ácidos grasos determinados en el estudio.

^{^*} Porcentaje de FA total en el músculo. SD: desviación estándar; Min: valor mínimo; Máx. .: valor máximo; CV: coeficiente de variación (DE / media x 100); h[^] 2: heredabilidad genómica; SE: error estándar.

^{^*}Percentage of total FA in muscle. SD: standard deviation; Min: minimum value; Max: maximum value; CV: coefficient of variation (SD/mean x 100); h[^]2: genomic heritability; SE: standard error.

Encontramos un gen candidato para la relación DHA / DPA directamente involucrado en la actividad de bioconversión omega-3. Sin embargo, no encontramos una señal en o cerca de los genes que se sabe que están involucrados en la bioconversión de omega-3 para los rasgos EPA, DHA o relación DHA / ALA. Se supone que los genes de esta vía deberían haberse identificado en estos análisis si esta vía fuera importante para determinar el contenido de EPA y DHA en el músculo. Por lo tanto, nuestros resultados sugieren que los genes de la vía de bioconversión omega-3 no están claramente asociados con el contenido de EPA y DHA en el músculo del salmón del Atlántico.

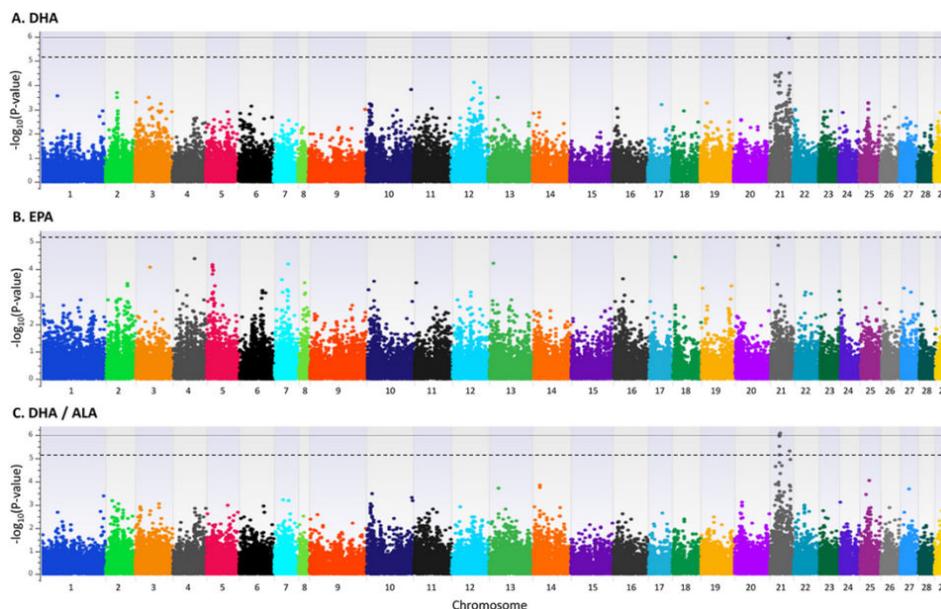


Fig. 1: Gráfico de Manhattan de los resultados de GWAS para A) DHA, B) EPA y C) relación DHA / ALA. El eje X (horizontal) representa los cromosomas, y el eje Y (vertical) muestra el $-\log_{10}$ (valor p). Un diagrama de Manhattan es un tipo de diagrama de dispersión, que generalmente se usa para mostrar datos con una gran cantidad de puntos de datos, y generalmente se usa en estudios de asociación de todo el genoma (GWAS) para mostrar SNP significativos. Adaptado del original.

Un posible factor importante detrás de la falta de asociación con los genes de la ruta de bioconversión omega-3 es que los peces fueron alimentados con una dieta alta en aceite de pescado. Los altos niveles dietéticos de EPA y DHA suprimen la actividad de la vía de bioconversión omega-3. El período de inanición también puede haber afectado la actividad metabólica y la composición de ácidos grasos. Por lo tanto, las diferencias observadas en el contenido de omega-3 son causadas más probablemente por diferencias en otros procesos metabólicos que por la bioconversión de omega-3.

Otra posible explicación es que, aunque la bioconversión de omega-3 es importante para la composición de ácidos grasos en el hígado, podría no ser tan importante para la composición de ácidos grasos musculares. No se ha demostrado el papel de esta vía en la determinación de la composición de ácidos grasos musculares, y el contenido de ácidos grasos omega-3 de cadena larga en el hígado y los músculos parecen ser dos rasgos diferentes, ya que muestran una correlación muy baja.

Nuestros resultados sugieren que la variación genética que afecta el contenido de EPA y DHA del filete está presente en el cromosoma 21 del salmón del Atlántico. Los resultados de GWAS para la relación DHA a ALA fortalecieron aún más la importancia del cromosoma 21 en relación con el contenido de omega-3 LC PUFA en el músculo del salmón del Atlántico. La región de los SNP más significativos en el cromosoma 21 contenía varios genes no caracterizados. Algunos de estos podrían estar involucrados en el metabolismo de FA omega-3 en el futuro. Se necesitan estudios adicionales – incluido el mapeo fino y la validación funcional – para una mayor aclaración de las variantes subyacentes a los rasgos de composición de FA.

Referencias disponibles de la publicación original.

Authors



SIRI S. HORN

Ph.D. candidate and corresponding author
Nofima, Norwegian Institute of Food, Fisheries and Aquaculture Research
P.O. Box 210, N-1432 Ås, Norway; and
Department of Animal and Aquaculture Sciences
Norwegian University of Life Sciences
N-1430 Ås, Norway

siri.storteig.horn@nofima.no (<mailto:siri.storteig.horn@nofima.no>).



BENTE RUYTER, PH.D.

Nofima, Norwegian Institute of Food, Fisheries and Aquaculture Research
P.O. Box 210, N-1432 Ås, Norway



PROF. THEO H.E. MEUWISSEN

Department of Animal and Aquaculture Sciences
Norwegian University of Life Sciences
N-1430 Ås, Norway



HOOMAN MOGHADAM, PH.D.

SalmoBreed AS
Sandviksboder 3A, N-5035 Bergen, Norway



BORGHILD HILLESTAD, PH.D.

SalmoBreed AS
Sandviksboder 3A, N-5035 Bergen, Norway



ANNA K. SONESSON, PH.D.

Nofima, Norwegian Institute of Food, Fisheries and Aquaculture Research
P.O. Box 210, N-1432 Ås, Norway

Copyright © 2016–2020 Global Aquaculture Alliance

All rights reserved.