

BÚSQUEDA DE REGIONES PLEIOTRÓPICAS CON INFLUENCIA SOBRE CARACTERES DE PRODUCCIÓN DE LECHE EN EL GANADO OVINO DE RAZA ASSAF

Marina¹, H., Gutiérrez-Gil¹, B., Suárez-Vega¹, A., Alexandre², P.A., Pelayo¹, R., Esteban-Blanco¹, C., Arranz¹, J.J. y Reverter², A.

¹Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, Campus de Vegazana s/n, León 24071, España. ²CSIRO Agriculture & Food, St Lucia, QLD 4067, Australia; hmarg@unileon.es.

INTRODUCCIÓN

La leche del ganado ovino, caracterizada por un alto contenido de grasa y proteína, se destina principalmente a la fabricación de una amplia variedad de quesos de alta calidad. Como en otras razas ovinas, en la raza Assaf el contenido de grasa y proteína de la leche está positivamente correlacionado con el rendimiento quesero e inversamente correlacionado con el contenido de lactosa en leche (Sánchez-Mayor *et al.*, 2018). Asimismo, la eficiencia de la coagulación de la leche ovina también se ha relacionado con varios parámetros lecheros como son el contenido en lactosa y las células somáticas (Marina *et al.*, 2020). En base a estas observaciones, el objetivo del presente trabajo fue realizar un análisis pleiotrópico para identificar regiones del genoma con influencia sobre el contenido de lactosa y células somáticas en la leche.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para este estudio se utilizaron un total de 1,039 ovejas de raza Assaf. Para cada una de ellas, se tomó una muestra de leche de 50 ml y se midió la concentración de lactosa y de células somáticas. Además, estos animales fueron genotipados, a partir de muestras de sangre, con un chip de media densidad diseñado a la carta (50K-chip). Ambas fuentes de información, fenotipo y genotipos, se utilizaron para realizar dos GWAS independientes, mediante la familia de programas BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2018). El efecto de cada SNP sobre los dos caracteres analizados se utilizó para realizar un análisis pleiotrópico (Bolormaa *et al.*, 2014). El 0.5% de los SNPs más significativos en el análisis de pleiotropía fueron seleccionados para análisis posteriores. Los genes localizados en un intervalo de confianza de ± 20 Kb de esos SNPs significativos fueron considerados como candidatos posicionales con un posible efecto pleiotrópico. El análisis de los procesos biológicos relacionados con los genes candidatos se realizó mediante un análisis de priorización funcional utilizando la web ToppGene (Chen *et al.*, 2009).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En los intervalos de confianza de los 221 SNPs que superaron el umbral de pleiotropía establecido se identificaron 163 genes anotados en el genoma ovino. El análisis de priorización funcional relacionó estos genes con procesos biológicos asociados simultáneamente con la respuesta inflamatoria y la activación de leucocitos, por una parte, y metabolización de los derivados de los carbohidratos y lípidos, por otra. Del total de genes seleccionados, 12 de ellos estuvieron relacionados directamente con procesos biológicos de interés: lactación (GO:0007595; *EIF2AK3* y *HIF1A*) y respuesta inflamatoria (GO:0006954; *ART3*, *CD44*, *CXCL10*, *CXCL9*, *FRAS1*, *KIAA1217*, *PLA2G4A* y *PTGS1*).

CONCLUSIÓN

Los resultados de este estudio son un primer paso para esclarecer la base genética conjunta del contenido de células somáticas y lactosa de la leche, caracteres para los que numerosos trabajos demuestran una influencia directa sobre las características organolépticas del queso. Las variantes pleiotrópicas identificadas en este estudio podrían ser utilizadas en programas de selección del ganado lechero ovino de raza Assaf con el objetivo de reducir el contenido de células somáticas sin afectar a la producción quesera.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bolormaa *et al.* 2014. PLoS Genet. 10.
- Chen *et al.* 2009. Nucleic Acids Research. 37: 305-311.
- Marina *et al.* 2020. Genes. 11: 715.
- Misztal *et al.* 2018. Manual for BLUPF90 family programs.
- Sánchez-Mayor *et al.* 2018. Livestock Sci. 228: 76-83.

Agradecimientos: El presente trabajo ha sido cofinanciado por los proyectos RTI2018-093535-B-I00 (Ministerio de Ciencia e Innovación), LE249P18 (Junta de Castilla y León, España) y la beca FPU16/01161 (MICIU, España). Los autores agradecen la excelente colaboración del Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO, Australia), y del consorcio de promoción ovino (CPO, Castilla y León).