

IDENTIFICACIÓN DE VARIANTES GENÓMICAS CON INFLUENCIA SOBRE EL pH DE LA LECHE EN EL GANADO OVINO DE RAZA ASSAF

Marina, H., Suárez-Vega, A., Gutiérrez-Gil, B., Pelayo, R., Esteban-Blanco, C. y Arranz, J.J.
Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, Campus de Vegazana s/n, León 24071, España; hmarg@unileon.es.

INTRODUCCIÓN

El estudio de los factores que influyen en el rendimiento quesero es de gran importancia para la mejora de la producción de leche en el ganado ovino. Uno de los factores que tiene más influencia sobre las propiedades y la eficiencia de la coagulación de la leche ovina es el potencial de hidrógeno (pH) (Pazzola, 2019). Los transportadores de iones junto con las enzimas de la leche juegan un papel importante en la homeostasis ácido base de la glándula mamaria y su fisiopatología (Ma *et al.*, 2019). El pH se ha relacionado previamente con mastitis subclínicas (Kandeel *et al.*, 2019). Además, en el ganado ovino, se ha descrito una correlación genotípica de 0.5 entre el pH y el número de células somáticas en la leche (Sánchez-Mayor *et al.*, 2018). Dada la importancia de este carácter sobre la calidad de la leche, el objetivo del presente trabajo fue identificar regiones del genoma con influencia sobre el pH en la leche, en una población comercial de ganado ovino lechero de raza Assaf.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para este estudio se genotiparon un total de 1,039 ovejas de raza Assaf con un chip de media densidad diseñado a la carta (50K-chip). Además, para cada una de las ovejas genotipadas, se tomó una muestra de leche de 50 ml en la que se midió el pH. Ambas fuentes de información, fenotipos y genotipos, se utilizaron para realizar un GWAS usando el programa GCTA (Yang *et al.*, 2011). Los genes localizados en un intervalo de confianza a 0,5 Mb de los SNP significativos fueron considerados como candidatos posicionales. La información funcional de estos genes se obtuvo mediante la base de datos GeneCards (Stelzer *et al.*, 2016). Finalmente, se realizó un análisis de priorización con la herramienta ToppGene (Chen *et al.*, 2009) utilizando como lista "patrón" una lista de genes relacionada con características físico químicas de la leche obtenida tras realizar una revisión bibliográfica del carácter estudiado.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Un único SNP, situado en la región OAR11:92Mb, superó el umbral de significación establecido a nivel genómico (p-val: 7.63e-07). Dentro del intervalo de confianza de este SNP se encontraron un total de 16 genes anotados en el genoma ovino (Oar_v3.1), de los cuales siete fueron priorizados funcionalmente. De ellos, seis presentaron una asociación con la persistencia de la lactación en ganado vacuno (Do *et al.*, 2017). Cuatro genes fueron relacionados con el número de monocitos y leucocitos en sangre (**MPO**, **MTMR4**, **TRIM37**, **RAD51C**). Dos genes estuvieron relacionados con otros procesos biológicos de interés como: la actividad transferasa (GO:0016740, **RNF43**), y el proceso catabólico de peróxido de hidrógeno (GO:0042744: **LPO**), estando esta última enzima presente de manera muy abundante en la leche (García *et al.*, 2011). Por último, el gen **TSPOAP1** está relacionado con la actividad de los canales de calcio (GO:0099626), el cual tiene un papel importante en la lactogénesis e influye en la dureza del queso (Neville *et al.*, 1983, Santos *et al.*, 2013).

CONCLUSIÓN

Los resultados de este estudio pretenden poner de manifiesto regiones genómicas con influencia sobre el potencial de hidrógeno de la leche. Tras la priorización funcional, proponemos una lista de genes potenciales candidatos cuya función podría afectar de forma directa o indirecta a las características físico químicas de la leche y, por tanto, también al rendimiento quesero.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Chen *et al.* 2009. Nucl. Acids Res. 37: 305-311. • Do *et al.* 2017. J. Dairy Sci. 100: 1955-1970. • García *et al.* 2011. Compr. Biotechnology. 4 • Kandeel *et al.* 2019. J. Dairy Sci. 102: 1417-1427 • Ma *et al.* 2019. Am. J. Physiol. 318: 98-111 • Neville *et al.* 1983. J. Dairy Sci. 66: 371-80. • Sánchez-Mayor *et al.* 2018. Livest. Sci. 228:76-83. • Santos *et al.* 2013. Arq. Bras. Med. Vet. Zootec. 65: 601-9 • Stelzer *et al.* 2016. Curr. Protoc. Bioinformatics. 17:444. • Yang *et al.* 2011. Am J Hum Genet. 88:76-82.

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) y la beca FPU16/01161 (MICIU). Los autores agradecen la excelente colaboración del consorcio de promoción ovino (CPO).