

Prot milkoma, Estudio de la base genética de la riqueza proteica y la coagulabilidad de la leche ovina mediante análisis del transcriptoma y el microbiana de la glándula mamaria

Objetivo del proyecto

El objetivo general que proponen es utilizar la metodología de NGS para el análisis de la variabilidad genética del transcriptoma de la glándula mamaria y su influencia sobre los caracteres de porcentaje de proteína y rendimiento quesero de la leche y para el conocimiento de la microbiota de la glándula mamaria de la oveja.

Participantes del proyecto

Universidad de León, www.unileon.es

Assafe, www.assafe.es

Consorcio Provincial Ovino (CPO),
<http://lechedeoveja.com>

SCAYLE, Supercomputación Castilla y León, España,
www.scayle.es

Periodo de ejecución

Del del año **2016** al **2019**.

Financiación del proyecto

Ministerio de Ciencia y Universidades.
AGL2015-66035-R



AGL2015-66035-R



Muestreo de ovejas para RNA y coagulación,

Funciones de SCAYLE

El uso de Caléndula ha permitido el tratamiento bioinformático de los datos de secuenciación masiva paralela (ARN y ADN).

Justificación del proyecto

La producción de leche de oveja en España constituye el 21% del total de la UE, siendo Castilla y León la región más productora y con mayor censo de nuestro país. Esta producción está destinada casi en su totalidad a la elaboración de queso de alta calidad, por lo que el aumento del rendimiento quesero, altamente dependiente del contenido de proteína y grasa de la leche, así como sus propiedades de coagulación (MCP), son de gran interés para este sector.

El presente proyecto, Protmilkoma, pretende utilizar la técnica de secuenciación masiva paralela del transcriptoma, o RNASeq, para la detección de variantes genéticas con efectos sobre caracteres de producción lechera, principalmente el porcentaje de proteína (PP) y las MCP. Además, el proyecto propone caracterizar la microbiota de la glándula mamaria sana de la oveja, cuya composición y equilibrio pueden afectar al bienestar y productividad del animal, así como a la calidad y propiedades tecnológicas de la leche producida. Para ello se plantean tres objetivos específicos.

En el primero de los objetivos se analizará el transcriptoma mamario de ovejas con fenotipo divergente para PP, realizándose un experimento de RNASeq en dos razas ovinas, Churra y Assaf (4 animales de alto PP vs 4 an. bajo PP, en cada raza). De todas las variantes identificadas con frecuencias extremas entre los dos grupos, especialmente las localizadas en los genes de las caseínas y proteínas del lactosuero y las de los genes identificados como expresados diferencialmente (DEGs), se seleccionará un grupo de SNPs para su inclusión en un chip de baja densidad, el MilkProtein-Chip (3.2K), cuyo genotipado en poblaciones comerciales (600 Churras y 600 Assaf) servirá para confirmar posibles asociaciones con caracteres lecheros.

En el segundo objetivo, de forma paralela, se realizará un experimento de RNASeq para comparar el transcriptoma mamario de ovejas Assaf con fenotipo extremo divergente para caracteres de coagulabilidad de la leche y de rendimiento quesero (4 an. de óptimas MCP vs 4 an. de deficientes MCP). Para ello, se realizará una determinación de varios parámetros relacionados con las MCP (RCT, k20, a30, a45, y a90, rendimiento quesero, contenido en citrato de la leche y pH). De nuevo, de la variabilidad divergente identificada en

este experimento se seleccionarán SNPs (localizados en los genes de las proteínas de la leche, en los DEGs y los genes de la ruta de síntesis del citrato) para incluirlos en el MilkProtein-Chip. Los genotipos de este chip generados en 400 ovejas Assaf con medidas disponibles para los caracteres tecnológicos en estudio permitirán identificar variantes asociadas con dichos fenotipos.

Finalmente, el tercer objetivo caracterizará la microbiota mamaria de las ovejas Assaf muestreadas en el Objetivo 2 mediante el análisis de la variabilidad del gen 16S rRNA mediante secuenciación, que se usará para la asignación taxonómica y cuantificación de la microbiota mamaria. Mediante posterior análisis de asociación se pretende identificar ciertos perfiles microbianos que pudieran tener un efecto positivo para el rendimiento quesero de la leche. Además, las muestras con mayor variabilidad microbiana serán sometidas a una secuenciación completa del DNA bacteriano utilizando un enfoque metagenómico. En conjunto, Protmilkoma, pretende, a través de las más modernas herramientas y tecnologías genómicas, proporcionar soluciones prácticas al sector ovino lechero.

Líder del proyecto

GRUPO DE MEJORA GENÉTICA ANIMAL (MEGA) de la Universidad de León, está formado por seis investigadores senior. La actividad investigadora tiene como objetivo fundamental la mejora y conservación de los recursos genéticos animales, y se centra en la mejora genética del ganado ovino lechero.

Desde hace más de 20 años ha colaborado con las asociaciones de ganaderos y con la administración para participar en el establecimiento y desarrollo de programas de mejora genética en el ganado ovino y ha realizado numerosas publicaciones sobre la base genética de la lactación en esta especie.

Una de los principales líneas de investigación se centra en el uso de la información molecular derivada de los proyectos de secuenciación de los genomas animales en la mejora genética animal. También ha colaborado en el estudio del transcriptoma de la glándula mamaria en la oveja y en la detección y eliminación de alelos letales en esta especie.