MARCADORES SNP ASOCIADOS A TERNEZA EN DOS MÚSCULOS, *Flexor Digitorum y Psoas Major*, EN AVILEÑA NEGRA IBÉRICA

Quintero-Arboleda, Ximena[1],Carabaño, Mª Jesús[1] ,Venturini, Guillherme[2], Meneses, Cristina[1], Rueda, Julia[3], Díaz, Clara[1]

[1]Departamento de Mejora Genética Animal. INIA . [2]Departamento de Mejora Genética FCAV-UNESP-Jaboticabal. Sao Paulo.Brasil [3]Departamento de Genética. Facultad de Biología. Universidad Complutense de Madrid

Correo electrónico: cdiaz@inia.es

INTRODUCCIÓN

La mejora de la calidad de carne es actualmente uno de los objetivos principales para el sector de la producción de carne de vacuno (Díaz y Quintanilla, 2002). De acuerdo a la opinión de los consumidores, la terneza de la carne es uno de los componentes principales de la calidad sensorial de la misma (Martin-Collado y Díaz , 2012). Desde finales de la década de los 90 se ha realizado una búsqueda intensiva de QTLs en distintas razas de vacuno de carne y sus cruces (www.animalgenome.com). Sin embargo, la búsqueda de marcadores genéticos de calidad de la carne en la raza Avileña Negra-Ibérica (ANI), con sello de Identificación Geográfica Protegida, no ha sido igualmente intensa. En dicha raza se han realizado estudios desde hace unos años en dos músculos distintos para entender la base genética de las diferencias en calidad de carne (Díaz et al., 2009; Lopez de Maturana et al., 2009). Moreno-Sánchez et al. (2012) encontraron genes que se expresan diferencialmente (DE) entre los músculos *Psoas major* (PM) y *Flexor digitorum* (FD), que se han asociado a caracteres de calidad de carne en otras poblaciones (Reverter et al., 2008), o que se han localizado en posición QTL para calidad de carne (Moreno-Sanchez et al., 2012). Teniendo en cuenta que estos músculos son notablemente distintos desde el punto de vista histológico, metabólico y bioquímico (Moreno-Sánchez et al., 2008), es razonable pensar que hay una base genética que puede estar determinando diferencias entre ambos músculos para algunos caracteres como la terneza de la carne.

El objetivo de este trabajo es identificar marcadores genéticos relacionados con la terneza de la carne medida en dos músculos distintos (*PM* y *FD en ANI)*.

MATERIALES Y MÉTODOS

Para este estudio se han usado las siguientes fuentes de información:

- Posición en el mapa bovino de QTLs para terneza de carne publicados hasta la fecha, recopilados en la base de datos pública Animal Genome (www.animalgenome.org) bajo la versión UMD_3.1. Esta información fue utilizada para preseleccionar los SNPs participantes en el estudio asociación, que fueron aquellos contenidos en estas regiones QTL.
- Genotipado de 397 terneros de raza ANI, realizado con la plataforma Illumina Bovine SNP50.
- Información fenotípica de terneza organoléptica y de compresión Warner-Blatzer o terneza instrumental después de siete días de maduración. Las medias y deviaciones estándar por músculo se presentan en la Tabla 1.

Tabla 1. Número de animales para los que se tienen datos fenotípicos con sus respectivas medias y desviaciones típicas (dt) para cada músculo.

	Flexor digitorum		***Psoas major***	
Caracteres	**Nº de Animales**	**Media ± dt**	**Nº de animales**	**Media ± dt**
Terneza instrumental	351	7,86±4,70	357	6,54±3,25
Terneza organoléptica	394	3,49±1,40	393	5,68±1,18

- El modelo usado para el análisis de asociación fue el siguiente:

$$y_{ijklm(no)pqr} = CbA_i + DCb_j + EdS_k + EpS_l + M_m + (SC_n + Ct_o) + gSNP_p + a_q + e_{ijklm(no)pqr}$$

donde CbA= Cebadero-Año, DCb=Duración del periodo de cebo, EdS=Edad al sacrificio, EpS=Época de sacrificio, M=Matadero, Ss/Ct=Sesión de cata/Catador (sólo para terneza organoléptica), gSNP=genotipo SNP, a=efecto poligénico, e=residuo. El análisis se llevó a cabo con el software QXpak 5.2 (Pérez-Enciso y Misztal, 2011)

Para fijar el umbral de significación para seleccionar los SNPs asociados a terneza en cada músculo se utilizó la tasa de falsos positivos (FDR) obtenida como: FDR=(n*p)/k, donde n es el número total de SNPs incluidos en el análisis, p es el umbral del p-valor fijado a priori y k es el número de SNPs seleccionados dado el umbral establecido.

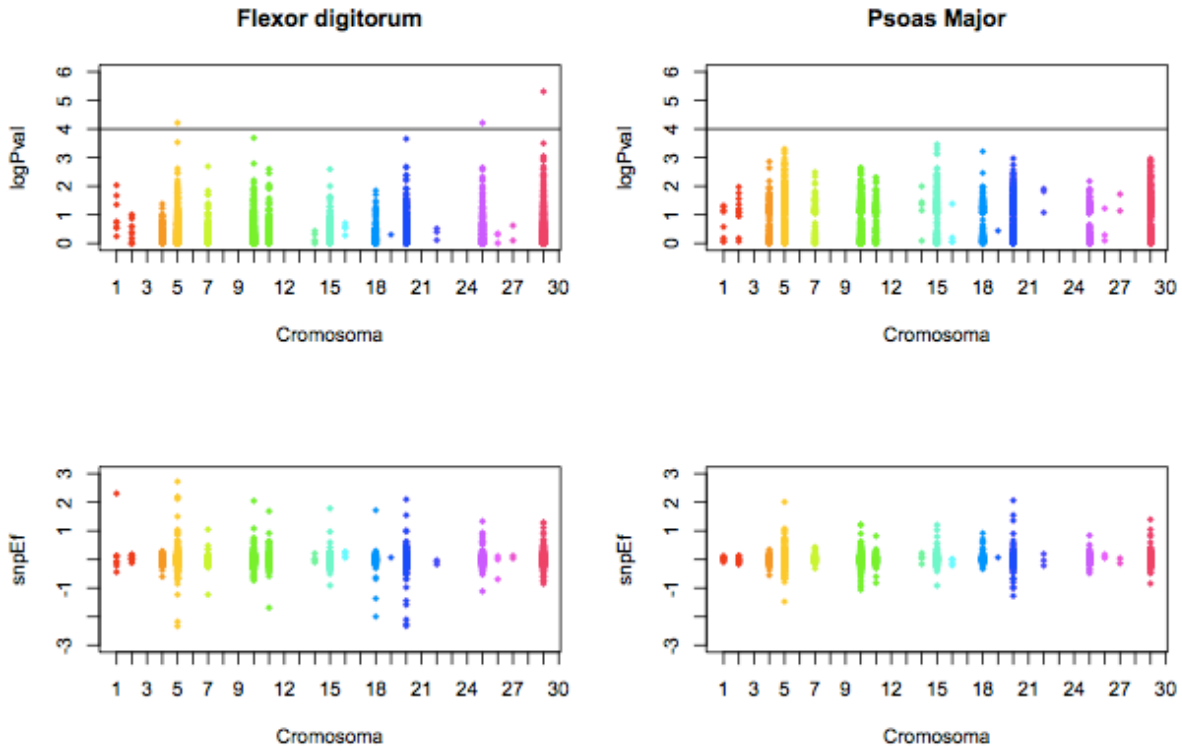
RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Para este estudio encontramos 4101 SNPs contenidos en los 140 QTLs descritos en www.animalgenome.com. De éstos, el 15.43% estaban fijados y/o presentaron un "call rate" por marcador <98%. Finalmente, tras esta depuración se utilizaron un total de 3468 SNPs.

Tabla 2. Número de SNPs (k) asociados a Terneza organoléptica e instrumental para distintos músculos y tasa de falsos positivos (FDR) asociada según distintos umbrales del p-valor.

P-valor	**Terneza Organoléptica**				**Terneza Instrumental**			
	Flexor digitorum		***Psoas major***		***Flexor digitorum***		***Psoas major***	
	k	FDR	k	FDR	k	FDR	k	FDR
P<0.05	196	0,88	890	0,19	258	0,67	165	1,05
P<0.01	54	0,64	153	0,23	65	0,53	43	0,80
P<0.001	9	0,38	8	0,43	17	0,20	4	0,87
P<0.0001	3	0,12	0	0	5	0,07	0	0
P<0.00001	1	0,03	0	0	2	0,02	0	0

En la Figura 1 se presentan el log de los p-valores junto con el umbral de significación fijado según el FDR correspondiente a un p valor menor que 10^{-5} y el efecto de los SNPs para la terneza organoléptica e instrumental, respectivamente.



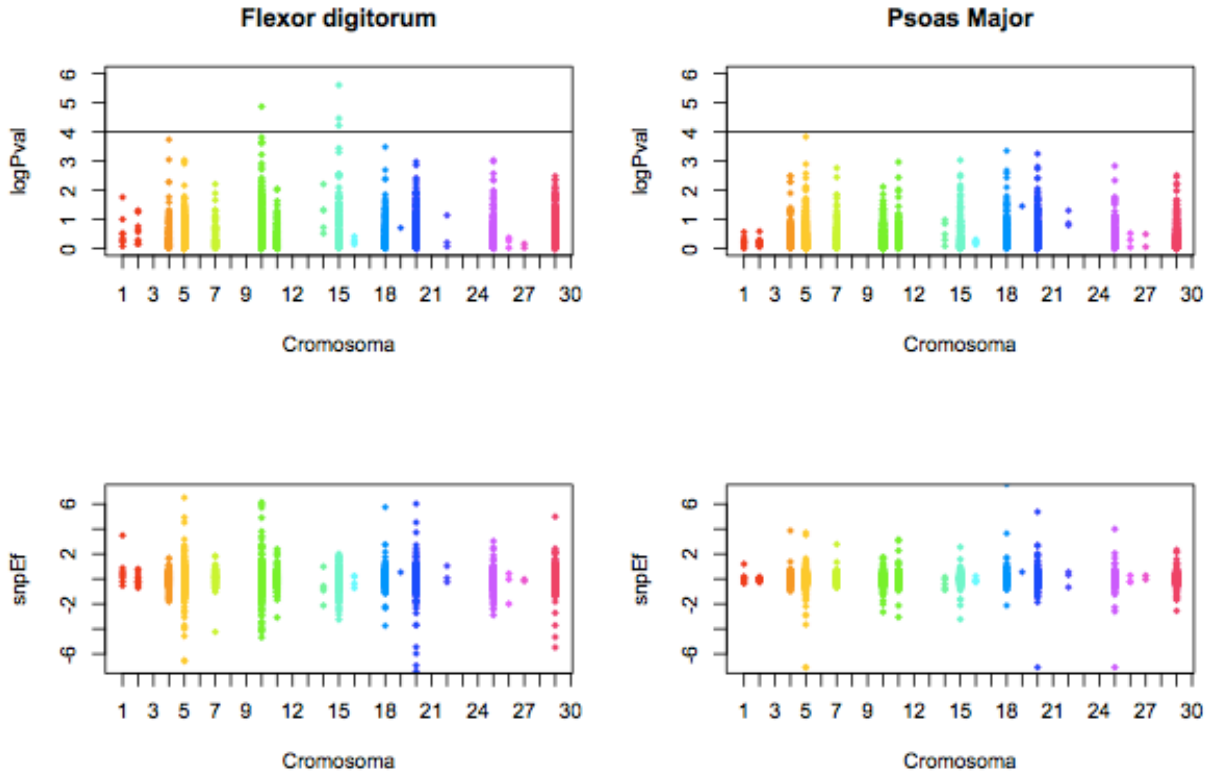


Fig.1. Manhattan plots para –Log(Pvalue) junto con el umbral de significación de acuerdo un FDR ≤12%. y efectos de los SNPs en cada músculo para terneza organoléptica (arriba) e instrumental (abajo)

Para el carácter terneza organoléptica se han identificado tres SNPs con un FDR=0.12, entre los cuales el SNP de mayor efecto explica el 7% de la varianza aditiva en el músculo FD y ningún SNP asociado a este carácter en el PM con el mismo nivel de FDR. En cuanto a terneza instrumental se han identificado 5 SNPs con un FDR=0.07, de los que el SNP de mayor efecto explicaría alrededor de un 55% de la varianza para este carácter en el músculo FD. Al igual que para terneza organoléptica, no se identificaron SNPs para el PM. Los resultados sugieren que podría existir un patrón diferencial entre ambos músculos.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen su contribución en la toma de muestras a la AECRANI y al Consejo Regulador de Carne de Ávila. Este estudio está financiado por el programa NEWGAN-CAM

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Díaz C. y Quintanilla R., 2002. ITEA. Producción Animal 98: 118;López de Maturana E., Carabaño, M.J., García-Cachán, M.D.,Díaz, C, 2009. 60th EAAP. Barcelona, España;Martín-Collado D.y Díaz C., 2012. 63th. EAAP. Bratislava. Eslovaquia; Moreno-Sánchez, N., Díaz, C., Carabaño, MJ, Rueda, J and Rivero, JL. 2008. BMC Cell Biol 9: 67; Moreno-Sánchez N., Rueda J., Reverter A., Carabaño M. J., Díaz C., 2012. Functional & Integrative Genomics 12:93. Pérez-Enciso,M y Misztal, I .2011.Bioinformatics.12:202; Reverter A., Chan E. K. F., Lehnert S. A., Barris W., McWilliam S. M., Dalrymple B., Barendse W.,2008. Aus J Exp Agric 48: 1053.