

## DETERMINACIÓN DEL ORIGEN DE LA LECHE CRUDA DE VACA MEDIANTE LA EXPRESIÓN DE MICROARN Y ALGORITMOS DE IA

Abou el qassim<sup>1</sup>, L.; Alonso<sup>2</sup>, J.; Royo<sup>1</sup>, L.J. y Díez<sup>2</sup>, J.

<sup>1</sup>Servicio Regional De Investigación Y Desarrollo Agroalimentario, carretera de Oviedo, s/n, 33300 Villaviciosa, Asturias, <sup>2</sup>Centro de Inteligencia Artificial de la Universidad de Oviedo, Campus de Viesques, 33271 Gijón, Asturias; ljroyo@serida.org

### INTRODUCCIÓN

Los microARN (miARN) son pequeños ARN no codificantes de 21-25 nucleótidos, producidos dentro de las células eucariotas y con la función de coordinación de redes reguladoras de la expresión génica (He y Hannon, 2004). Los niveles de expresión de los miARN dependen de su contexto genético y también de las condiciones ambientales (Romao *et al.*, 2014). Esta última característica y su resistencia a condiciones fisicoquímicas adversas ha hecho de los miARN buenos biomarcadores en diferentes campos de estudios. La leche producida en base a pastos es cada vez más valorada por los consumidores gracias a las ventajas que implica (el bienestar animal, la calidad de leche y el medio ambiente). En este trabajo aplicamos un algoritmo de Inteligencia Artificial a los resultados de expresión de miARN en leche cruda de vaca para evaluar la posibilidad de diseñar una herramienta de trazabilidad rápida y barata, que sea capaz de discriminar la leche producida en un sistema en base a pastoreo.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Setenta y cuatro muestras de leche de tanque de treinta y siete ganaderías, representativas de los sistemas de producción característicos en Asturias, fueron muestreadas durante el otoño y la primavera de 2017 y 2019. En el laboratorio se separaron y conservaron las fases celular y grasa de la leche (Li *et al.*, 2016) y se extrajo el ARN total de las 148 muestras. Se seleccionaron miARN de resultados previos de secuenciación (Abou el qassim *et al.*, 2017) y de la bibliografía, analizándose la expresión de 10 miARN en las muestras de la grasa y 13 en las células. Los resultados de expresión de los miARN fueron normalizados con miARN internos de expresión estable. Las muestras fueron agrupadas de dos maneras: 1) según la práctica del pastoreo: “no Pastoreo” VS “sí Pastoreo” y 2) según el consumo de silo de maíz: “no Maíz” VS “sí Maíz”. Sobre los resultados de expresión de miARN se construyeron árboles de decisión utilizando el algoritmo de aprendizaje automático C4.5(Quinlan, 1993).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El algoritmo permite dos cosas, por un lado, clasificar cada una de las muestras en una clase (Pastoreo vs no Pastoreo; Maíz vs no Maíz), y calcular su capacidad de aprender a clasificar las muestras en su clase, y por otro identificar los miARN más informativos. **Agrupación según el pastoreo:** El algoritmo no era capaz de clasificar bien cada muestra en su sistema de producción, y por lo tanto no fue capaz de identificar miARN relevantes. **Agrupación según el silo de maíz:** En este caso el mejor árbol obtenido, cuando se utilizan solo los miARN analizados en grasa, es capaz de aprender a clasificar correctamente casi el 70% de las muestras en su clase. Además, señala a los miARN bta-mir-532 y bta-mir-215 como atributos relevantes para determinar el grupo al que pertenece la muestra.

### CONCLUSIÓN

Aprender a clasificar la clase Pastoreo parece bastante más complicado que la clase Maíz. La combinación de marcadores y muestras analizadas no permiten discriminar la leche en base a pastos, quizá por la enorme variabilidad interna de dietas y manejos en las explotaciones comerciales de pastoreo. Sin embargo, cuando se considera la clase Maíz, el algoritmo aprende más. Los ensayos en condiciones experimentales controladas, pueden permitir la identificación de miARN relevantes en la clasificación de leche cruda según dietas y sistemas de manejo concretos.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Abou el qassim L. *et al.*, 2017. XVII Jornadas sobre Producción Animal • He, L., & Hannon, G. J. 2004. Nature Reviews Genetics, 5(7), 522. • Li R. *et al.*, 2016. PloS one 11: e0154129. • Romao, J. M. *et al.*, 2014. BMC genomics, 15(1), 137. • Quinlan, J. R. 2014. Elsevier.

**Agradecimientos:** Apoyo parcial de la subvención INIA y FEDER (RTA2014-00086-C03-02; RTA2015-0061-C02-01) y Principado de Asturias (PCTI 2018-2020, GRUPIN: IDI2018-000237). L. Abou el Qassim, es beneficiaria de la beca predoctoral Severo Ochoa (BP17-49). Agradecemos al personal del Laboratorio de Nutrición Animal del SERIDA, y ganaderos asturianos.